

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL

Nermy Ribeiro Valadares

Abordagem bayesiana na seleção de clones e progênies de batata-doce

Montes Claros

2020

Nermy Ribeiro Valadares

Abordagem bayesiana na seleção de clones e progênies de batata-doce

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade Federal de Minas Gerais, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutora em Produção Vegetal.

Orientador: Alcinei Místico Azevedo

Coorientador: Cândido Alves da Costa

Montes Claros

Julho de 2020

Valadares, Nermy Ribeiro.

V136a
2020

Abordagem bayesiana na seleção de clones e progênies de batata-doce/ Nermy Ribeiro Valadares. Montes Claros, 2020.

78 f.: il.

Tese (Doutorado) - Área de concentração em Produção Vegetal. Universidade Federal de Minas Gerais / Instituto de Ciências Agrárias.

Orientador: Alcinei Místico Azevedo.

Banca examinadora: Silvia Nietsche, Valter Carvalho de Andrade Júnior, Samy Pimenta, Leonardo Ribeiro Monteiro.

Inclui referências: f. 19-26; 41-42; 52-54; 71-73.

1. Ipomoea batatas (L.) Lam. 2. Plantas - Melhoramento genético. 3. Biometria.. I. Azevedo, Alcinei Místico. II. Universidade Federal de Minas Gerais. Instituto de Ciências Agrárias. III. Título.

CDU: 631.52



ATA DE DEFESA DE TESE

Aos 10 dias do mês de julho de 2020, às 14:00 horas, sob a Presidência do Professor Alcinei Místico Azevedo, D. Sc. (Orientador - ICA/UFMG) e com a participação dos Professores Sílvia Nietzsche, D. Sc. (ICA/UFMG), Leonardo Monteiro Ribeiro, D. Sc. (Unimontes), Valter Carvalho de Andrade Júnior, D. Sc. (UFLA) e Samy Pimenta, D. SC. (Unimontes), reuniu-se, por videoconferência, a Banca de tese de **Nermy Ribeiro Valadares**, aluna do Curso de Doutorado em Produção Vegetal. O resultado da defesa de tese intitulada:


“**Abordagem bayesiana na seleção de clones e progênies de batata-doce**”, sendo a aluna considerada (aprovado/reprovado) **aprovada**. E, para constar, eu, Professor Alcinei Místico Azevedo, Presidente da Banca, lavrei a presente ata que depois de lida e aprovada, será assinada por mim e pelos demais membros da Banca examinadora.


OBS.: A aluna somente receberá o título após cumprir as exigências do **ARTIGO 68** do regulamento do Curso de Doutorado em Produção Vegetal, conforme apresentado a seguir:

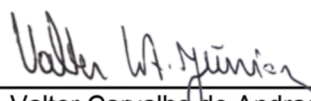
Art. 68 Para dar andamento ao processo de efetivação do grau obtido, o candidato deverá, após a aprovação de sua Dissertação ou Tese e da realização das modificações propostas pela banca examinadora, se houver, encaminhar à secretaria do Colegiado do Programa, com a anuência do orientador, no mínimo 3 (três) exemplares impressos e 1 (um) exemplar eletrônico da dissertação ou, 4 (quatro) exemplares impressos e 1 (um) exemplar eletrônico da tese, no prazo de 60 (sessenta) dias.

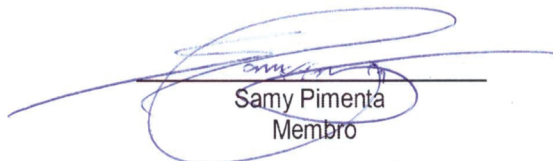
Montes Claros, 10 de julho de 2020.


Alcinei Místico Azevedo
Orientador


Sílvia Nietzsche
Membro


Leonardo Monteiro Ribeiro
Membro


Valter Carvalho de Andrade Júnior
Membro


Samy Pimenta
Membro

Agradecimentos

Aos meus pais, Benedito e Neuza, pelo amor, atenção e apoio. Agradeço também pelos valores morais recebidos, fundamentais para minha jornada.

A toda minha família, em especial a minha irmã Leonora, e aos meus avós José (*in memorian*) e Nermy (*in memorian*); ao Lucas e à Raimunda, e ao meu marido Alcinei que sempre estiveram ao meu lado e sempre estarão no meu coração.

A Deus por ser fonte de sabedoria e calma.

À UFVJM e a todos os professores, pelos ensinamentos e doação do material propagativo.

À UFMG (ICA), todos os professores e funcionários.

Aos colegas e amigos do grupo de estudos GEEA.

Agradeço à Ana Clara e Clóvis Henrique pela amizade e auxílio na condução das pesquisas.

A todos os meus amigos e colegas, que de alguma forma me ajudaram e alegraram nesses anos.

À banca pela disponibilidade.

À CAPES, à FAPEMIG e ao CNPq pelo apoio a este estudo.

ABORDAGEM BAYESIANA NA SELEÇÃO DE CLONES E PROGÊNIES DE BATATA-DOCE

RESUMO

A inferência bayesiana como ferramenta para identificação de genótipos superiores de batata-doce é uma estratégia importante para o desenvolvimento de programas de melhoramento, pois possibilita o aproveitamento do conhecimento a priori oriundo de experimentos prévios. A batata-doce tem potencial para combater a desnutrição e garantir segurança alimentar para a população. Uma cultura versátil que pode ser utilizada tanto na alimentação humana como animal, e como matéria prima para a indústria. Logo, objetivou-se selecionar clones e progênies superiores e estudar a variabilidade existente no banco germoplasma do Instituto de Ciências Agrárias (ICA), da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), utilizando a abordagem bayesiana. Foram avaliados em dois experimentos 24 clones e 16 progênies de meios-irmãos de batata-doce quanto à produtividade de raízes e ramos, formato de raízes e resistência a insetos do solo. Os dados foram analisados por meio da inferência bayesiana, com *priori* informativa, obtida a partir de dados oriundos de experimentos prévios. Para a avaliação da dissimilaridade genética dos 24 clones foram utilizados dados quantitativos e qualitativos em uma análise multivariada pela abordagem bayesiana. Os clones UFVJM40, UFVJM06, UFVJM09 e CAMBRAIA e as progênies F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM09, F-CAMBRAIA e F-UFVJM40 se destacaram dos demais e podem ser utilizados como genitores em futuros programas de melhoramento. Houve variabilidade genética entre os genótipos de batata-doce. UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 são dissimilares dos demais e podem compor cruzamentos com os genótipos superiores selecionados. A inferência bayesiana foi eficiente na avaliação da dissimilaridade e na seleção de clones e progênies de batata-doce.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Melhoramento genético de plantas. Análise multivariada. Dissimilaridade. Biometria.

BAYESIAN APPROACH IN THE SELECTION OF SWEET POTATO CLONES AND PROGENIES

ABSTRACT

The bayesian inference as a tool for the identification of superior sweet potato genotypes is an important strategy for the development of breeding programs, as it allows the use of prior knowledge from previous experiments. Sweet potatoes have the potential to combat malnutrition and ensure food security for the population. A versatile culture that can be used both in human and animal food, and as a raw material for industry. Therefore, the objective was to select clones and superior progenies and to study the variability existing in the germplasm bank of the Institute of Agricultural Sciences (ICA), of the Federal University of Minas Gerais (UFMG), using the bayesian approach. 24 clones and 16 progenies of sweet potato half-siblings were evaluated in two experiments regarding root and branch productivity, root shape and resistance to soil insects. The data were analyzed using bayesian inference, with an informative priori, obtained from data from previous experiments. To assess the genetic dissimilarity of the 24 clones, quantitative and qualitative data were used in a multivariate analysis using the Bayesian approach. The clones UFVJM40, UFVJM06, UFVJM09 and CAMBRAIA and progenies F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM09, F-CAMBRAIA and F-UFVJM40 stood out from the others and can be used as parents in future breeding programs. There was genetic variability between sweet potato genotypes. UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 are dissimilar to the others and can make crosses with the selected superior genotypes. Bayesian inference was efficient in assessing dissimilarity and in the selection of sweet potato clones and progenies.

Keywords: *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Plant breeding. Multivariate analysis. Dissimilarity. Biometry.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	8
2. OBJETIVOS.....	9
2.1. Objetivo Geral.....	9
2.2. Objetivos Específicos.....	9
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	10
3.1. Estratégias de seleção no melhoramento genético.....	10
3.2. Inferência bayesiana e sua aplicabilidade no melhoramento genético	10
3.3. Estudo da variabilidade genética pela abordagem bayesiana multivariada	12
3.4. Melhoramento genético da batata-doce	13
3.5. A cultura da batata-doce e suas potencialidades.....	15
3.6. Biologia reprodutiva da batata-doce	15
3.7. Experimentos com os genótipos do banco do germoplasma de batata-doce da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhona e Mucuri (UFVJM).....	16
4. REFERÊNCIAS.....	19
5. ARTIGOS.....	27
5.1. Artigo 1: Abordagem bayesiana na estimativa de parâmetros genéticos e ganho de seleção em batata-doce.....	27
5.1.1. Introdução.....	28
5.1.2. Material e métodos.....	28
5.1.3. Resultados.....	31
5.1.4. Discussão	37
5.1.5. Conclusão.....	39
5.1.6. Agradecimentos	40
5.1.7. Referências.....	41
5.2. Artigo 2: Abordagem bayesiana na avaliação da dissimilaridade em clones de batata-doce ..	43
5.2.1. Introdução.....	44
5.2.2. Material e métodos.....	44
5.2.3. Resultados.....	47
5.2.4. Discussão	50
5.2.5. Conclusões	51
5.2.6. Agradecimentos	51
5.2.7. Referências.....	52

5.3. Artigo 3: Abordagem bayesiana na estimativa de parâmetros genéticos e ganho de seleção em meios-irmãos de batata-doce	55
5.3.1. Introdução.....	56
5.3.2. Material e métodos.....	56
5.3.3. Resultados.....	60
5.3.4. Discussão	68
5.3.5. Conclusões.....	70
5.3.6. Agradecimentos.....	70
5.3.7. Referências.....	71
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	74
APÊNDICES.....	75
Apêndice A	75
Apêndice B	76

1. INTRODUÇÃO GERAL

O melhoramento genético de plantas é uma ferramenta para maximizar a produtividade e qualidade dos alimentos e suprir a crescente demanda da humanidade. Teve início com a seleção fenotípica de indivíduos que se destacavam positivamente nas populações segregantes, durante a domesticação pelo homem (SOUSA *et al.*, 2019). A seleção de genótipos superiores e o planejamento de cruzamentos são etapas fundamentais para o estabelecimento de um programa de melhoramento (BORÉM; MIRANDA, 2013).

As metodologias frequentistas normalmente utilizadas para trabalhar com os dados obtidos de programas de melhoramento dispensam as informações pré-existentes de experimentos anteriores na estimação dos parâmetros (NASCIMENTO *et al.*, 2011). Já a utilização da abordagem bayesiana permite a incorporação da informação *a priori*, resultando em uma avaliação mais coerente e robusta (KLAUENBERG *et al.*, 2015). A abordagem bayesiana pode ser aliada também às técnicas multivariadas, auxiliando os programas de melhoramento (SANTOS *et al.*, 2016).

A inferência bayesiana baseia-se no conhecimento da distribuição *posteriori* dos parâmetros a serem estimados, possibilitando a construção de intervalos de credibilidades exatos para os componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos. O que conduz a maior acurácia, ou seja, maior aproximação entre ganhos genéticos preditos e realizados com a seleção (RESENDE *et al.*, 2001). Para a cultura da batata-doce não existem trabalhos com a abordagem bayesiana na seleção de indivíduos superiores.

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é uma importante fonte de calorias, proteínas, vitaminas e minerais para a humanidade. É a sétima cultura mais importante do mundo. Teve papel essencial durante e após três anos da Grande Fome Chinesa, nos anos de 1958 e 1961 e, posteriormente, foi considerada alimento potencial na segurança alimentar da China (YANG *et al.*, 2016).

A cultura desempenha um papel vital no alívio da fome nos países em desenvolvimento (MOLLINARI *et al.*, 2020). No Brasil, a batata-doce é uma cultura antiga e bastante disseminada. É cultivada por pequenos produtores rurais e com grande importância social e econômica (SOUZA, 2000).

O melhoramento da batata-doce não é praticado por empresas privadas, devido à facilidade da propagação vegetativa da cultura e principalmente seu baixo valor agregado. O que torna as iniciativas de trabalhar com o melhoramento dessa cultura de grande importância para instituições públicas.

A propagação vegetativa da batata-doce permite a adoção imediata de clones geneticamente superiores, quando identificados em qualquer fase do programa (FREITAS *et al.*, 2001). O desenvolvimento e avaliação de materiais melhorados, que atendam a demanda dos produtores e consumidores são etapas inerentes ao programa de melhoramento (CAVALCANTE *et al.*, 2009).

Logo, considera-se necessário o conhecimento acerca da assimilação e avaliação da abordagem bayesiana na análise de experimentos no melhoramento de plantas, o que pode auxiliar as tomadas de decisão no melhoramento genético.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Utilizar o conhecimento *a priori* obtido em experimentos prévios por meio da inferência bayesiana a fim de selecionar clones e progênies para o melhoramento genético da batata-doce.

2.2. Objetivos Específicos

- Avaliar a eficácia da inferência bayesiana em estudos com a cultura da batata-doce;
- Estudar a dissimilaridade entre acessos de batata-doce;
- Obter estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção para clones e progênies de batata-doce;
- Selecionar clones e progênies superiores de batata-doce.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Estratégias de seleção no melhoramento genético

Em espécies de propagação vegetativa os cruzamentos entre progenitores superiores, seguidos de seleção visando à clonagem são os procedimentos clássicos adotados no melhoramento (BORÉM; MIRANDA, 2013). A experimentação em campo pode ser baseada na avaliação individual ou de totais ou médias de parcelas. Algumas culturas como cana-de-açúcar e forrageiras apresentam dificuldade para a obtenção de dados em nível de indivíduos (RESENDE; BATBOSA, 2005).

A dificuldade da avaliação em nível de indivíduos é observada também para a cultura da batata-doce, principalmente na colheita. Com dificuldade para colher as raízes em sua totalidade e sem danos (AZEVEDO *et al.*, 2015). Além da dificuldade na separação das plantas e das raízes tuberosas subterrâneas, dificultando o controle ambiental (CAVALCANTE *et al.*, 2006).

Como estratégia de seleção para essas culturas é recomendando a utilização do BLUP individual simulado (BLUPIS). O BLUPIS consiste em determinar, a partir de dados em nível de parcela, o número de indivíduos a serem selecionados em cada família, o número total de clones a ser avançado e o número de famílias a contribuir com indivíduos selecionados. Esse método elimina as famílias com efeito genotípico negativo, devida à baixa probabilidade de se obter um clone superior nestas famílias (RESENDE; BARBOSA, 2006).

A metodologia BLUPIS pode ser empregada visando a seleção direta, indireta ou simultânea. A seleção direta pode proporcionar ganhos individuais superiores na característica sob seleção (HALLAUER *et al.*, 2010). Para a seleção de características com baixa herdabilidade ou difíceis de medir é usado principalmente a resposta indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Já a seleção simultânea maximiza as chances de sucesso no processo de melhoramento, proporcionando ganhos equilibrados a todas as características. E ainda, possibilitando a obtenção de ganhos mesmo para características desfavoravelmente correlacionadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A seleção simultânea pode ser realizada por diferentes métodos. Dentre eles, o índice de seleção Mulamba e Mock (1978), que tem a vantagem de não necessitar de pesos econômicos nem da estimação de parâmetros além das médias (TEIXEIRA *et al.*, 2012). E consiste em classificar as progênies em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada genótipo referente a cada caráter, resultando uma medida adicional tomada como índice de seleção (CRUZ; REGAZZI, 1994).

3.2. Inferência bayesiana e sua aplicabilidade no melhoramento genético

O teorema de Bayes, utilizado atualmente nas mais diversas áreas de conhecimento, foi criado por Thomas Bayes. Que foi um reverendo presbiteriano que viveu no início do século 18 na Inglaterra. Considerando a sua imensa importância atual, sabemos pouco sobre ele. E é certo que seu conhecimento ficou estático por um tempo (PENA, 2006).

A publicação do artigo “An essay towards solving a problem in the doctrine of changes” apresentado à Royal Statistical Society por Richard Price, após morte de Bayes, fez surgir a inferência bayesiana (TIMPANI; NASCIMENTO, 2015). Mas, após a publicação, o trabalho caiu no esquecimento, e só foi resgatado pelo matemático francês Pierre-Simon de Laplace tempos depois, que o revelou ao mundo (PENA, 2006).

No teorema de Bayes, o conhecimento prévio sobre o parâmetro é resumido pela densidade a *priori*. A probabilidade $P(y | \theta)$ é a função de verossimilhança e o conhecimento atualizado está contido na densidade *posteriori*. Para o Teorema de Bayes, a *posteriori* é proporcional ao produto da verossimilhança e da *priori* (CONGDON, 2006).

Logo,

$$P(\theta | y) \propto P(y | \theta)P(\theta)$$

Onde:

$P(\theta | y)$ é a *posteriori*, $P(y | \theta)$ é a função de verossimilhança e $P(\theta)$ é a *priori*.

A abordagem bayesiana aplica as leis da probabilidade diretamente ao problema. Isso oferece muitas vantagens fundamentais sobre a estatística frequentista, ou clássica, mais comumente usada (BOLSTAD, 2007). Na abordagem bayesiana a distribuição a *posteriori* vem de duas fontes: a distribuição anterior e os dados observados, ou seja, informações pré-existentes e função de verossimilhança (OLIVEIRA *et al.*, 2015).

A inferência bayesiana trata os parâmetros do modelo estatístico como variáveis aleatórias. A distribuição a *posteriori* depende de dados amostrais existentes e das informações que compõe a *priori*. Dessa forma é possível obter as distribuições de probabilidade condicional para os parâmetros (BOLSTAD, 2007).

A distribuição a *priori* deve representar probabilisticamente o conhecimento que se tem sobre o comportamento de um parâmetro, se ele existir, antes da condução do experimento. Logo, a *priori* deve ser definida pela opinião de especialistas, ou distribuições *posteriores* pré-existentes, obtidos por dados experimentais prévios. Caso não exista nenhum conhecimento a respeito do parâmetro utiliza-se a *priori* não informativa. Uma das formas é considerar que todos os possíveis valores do parâmetro são igualmente prováveis, em uma distribuição a *priori* uniforme. Essa análise pode ser considerada ponto de partida quando não se tem o conhecimento a *priori* (TIMPANI; NASCIMENTO, 2015).

Como dito, a inferência bayesiana trata os parâmetros populacionais como variáveis. E para obter os intervalos de credibilidade de forma fácil é possível utilizar o método de simulação de Monte Carlo (NOGUEIRA *et al.*, 2003). Os métodos de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC - Markov Chain Monte Carlo) são iterativos e uma alternativa na solução de problemas complexos (SILVA, 2012). Os processos iterativos usados são procedimentos em que se obtém uma sequência de soluções aproximadas de um problema, onde cada termo da sequência é obtido a partir dos anteriores, chegando cada vez mais perto da solução do problema (BOLDRINI *et al.*, 1980).

A inferência bayesiana é utilizada nas mais diversas áreas de conhecimento. Em pesquisa básica é possível encontrar trabalhos na área da medicina (ZARBIN, 2013), psicologia (MATZKE; BOEHM; VANDEKERCKHOVE, 2017), meio ambiente (JOHNSON; PECQUERIE; NISBET, 2013), zootecnia (MANN, 2011), agronomia (MOLINA; SANCHES; TORRES, 2011) e várias outras áreas.

Na agronomia, especificamente no melhoramento genético, determinar a proporção genética da variabilidade total é uma questão antiga, mas que continua sendo umas das principais questões no melhoramento de plantas (MATHEW; LÉON; SILLANPÄÄ, 2015). Para responder essa pergunta é

necessário obter estimativas precisas dos componentes de variância. Na análise dos dados obtidos no melhoramento genético de plantas a obtenção dos componentes de variância normalmente é realizada pela estatística frequentista, mas pode ser feito também pela inferência bayesiana.

Segundo Resende *et al.* (2001), a análise bayesiana proporciona resultados adicionais àqueles obtidos pela abordagem frequentista, como os intervalos de credibilidade bayesianos para as estimativas dos parâmetros. Os autores afirmam ainda que as estimativas dos componentes de variância, valores genéticos e ganhos genéticos são mais precisos quando comparados com os métodos tradicionais.

Um importante fenômeno para o melhoramento genético é a interação genótipo ambiente (BORÉM; MIRANDA, 2013). Segundo Perez-Elizalde; Jarquin; Crossa, (2011), os resultados obtidos com a abordagem bayesiana mostram a utilidade desse método para ensaios de melhoramento, auxiliando na interpretação dos resultados.

Além da investigação da interação genótipo ambiente outro fator importante para os programas de melhoramento vegetal é conhecer a herança das características em seleção (BORÉM; MIRANDA, 2013). E nesse contexto a inferência bayesiana também pode ser utilizada, obtendo resultados favoráveis (SILVA; BEARZOTI; BUENO FILHO, 2009). A abordagem bayesiana vem sendo utilizada também para alinhar o lançamento de novas cultivares ao gosto do consumidor, e de toda a cadeia de comercialização (TESFAYE *et al.*, 2012).

Independente do campo de estudo o objetivo do melhoramento de plantas é a seleção e recomendação de cultivares. Nesse sentido Teodoro *et al.* (2015) usou a inferência bayesiana na seleção de cultivares de feijão-caupi, concluindo que essa abordagem proporciona maior acurácia na seleção.

A estatística bayesiana já foi utilizada nas mais diversas culturas, dentre elas o feijão-caupi (TEODORO *et al.*, 2015), braquiária (RIBEIRO *et al.*, 2018), arroz (MOLINA; SANCHES; TORRES, 2011), abobrinha (SILVA; BEARZOTI; BUENO FILHO, 2009) dentre outras.

3.3. Estudo da variabilidade genética pela abordagem bayesiana multivariada

A caracterização da variabilidade genética é ponto de partida para os programas de melhoramento genético (LAURIE *et al.*, 2013). Nos bancos de germoplasma, um passo importante para o aprimoramento genético é estudar a dissimilaridade entre acessos (ANDRADE *et al.*, 2017). Vários são os métodos empregados para estudar a viabilidade de uma população de plantas. Mas é certo que os modelos multicaracterísticos permitem melhores respostas (VIANA *et al.*, 2010).

Estudos de dissimilaridade podem ser feitos pela análise multivariada com base em marcadores morfológicos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Os marcadores morfológicos permitem fácil discriminação entre acessos de batata-doce (MOULIN *et al.*, 2012). E as técnicas multivariadas permitem identificar fontes de variabilidade genética, avaliar a importância das características para a divergência genética e ainda, auxiliar nas tomadas de decisão do melhorista (ABREU *et al.*, 2004).

A análise multivariada por meio da abordagem bayesiana vem sendo utilizada em diversos estudos de dissimilaridade genética. No melhoramento de plantas foi utilizada para o pinhão manso, permitindo o conhecimento da estrutura populacional e auxiliando programas de melhoramento (SANTOS *et al.*, 2016). Em *Paspalum urvillei* foi utilizada para o estudo da variabilidade fenotípica (FERREIRA *et al.*, 2020).

A abordagem bayesiana aliada a modelos multicaracterísticos são ferramentas que podem ser utilizadas nas diversas etapas do melhoramento genético, assim como para estimar parâmetros populacionais na seleção (AZEVEDO *et al.*, 2017) e para a avaliação da dissimilaridade entre genótipos (SANTOS *et al.*, 2016).

3.4. Melhoramento genético da batata-doce

O melhoramento genético de plantas começou com a seleção fenotípica de indivíduos que se destacavam positivamente nas populações segregantes, durante a domesticação pelo homem (SOUSA *et al.*, 2019). A domesticação das culturas corresponde a um processo evolutivo de divergência de espécies, no qual alterações genéticas, morfológicas e fisiológicas resultam do cultivo de plantas por seres humanos (PURUGGANAN; FULLER, 2009). Para culturas propagadas vegetativamente a domesticação é encarada como um processo longo, envolvendo ciclos repetidos de seleção, recombinação e fluxo gênico. Que conduz a transição planta silvestre-domesticada (ROULLIER *et al.*, 2013).

A batata-doce pode ser propagada tanto vegetativamente quanto por sementes. A variabilidade dentro da espécie é muito alta, provavelmente devido ao alto nível de ploidia e alogamia. Seu genoma hexaplóide ($2n = 6x = 90$) é altamente polimórfico e ainda não foi sequenciado. A primeira tentativa bem sucedida de investigar a complexidade da composição da sequência cromossômica do próprio poliploide foi feito por Yang *et al.* (2016).

A alogamia da batata-doce aliada à propagação vegetativa faz com que o melhoramento da batata-doce seja mais fácil. Pois, diante de grande variabilidade genética, a obtenção de uma única planta superior agronomicamente é o suficiente, visto que a mesma poderia ser propagada facilmente pelo método vegetativo. Mas devido ao seu alto nível de ploidia, os estudos genéticos em batata-doce ficam atrás das principais culturas diploides (MOLLINARI *et al.*, 2020).

Um dos métodos de melhoramento mais indicados para a cultura da batata-doce é a seleção recorrente (OLIVEIRA *et al.*, 2002). A seleção recorrente é qualquer sistema designado para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Para isso, pode ser obtida uma população base (também denominada de composto), a qual pode ser obtida pelo cruzamento de vários genótipos. A vantagem de praticar a seleção recorrente em uma população base é que nesta há uma maior variabilidade e heterozigose, o que culmina na maior possibilidade de selecionar indivíduos segregantes transgressivos em termos de valor genético aditivo (RESENDE; BARBOSA, 2005).

Populações formadas a partir de cruzamento de genitores divergentes apresentam maior variabilidade e, conseqüentemente, maior variância genotípica, tendendo a mostrar maiores valores de herdabilidade (BORÉM; MIRANDA, 2013). Dessa forma vários trabalhos buscam avaliar a dissimilaridade entre genótipos de batata-doce. Silva *et al.* (2017) avaliou a dissimilaridade genética entre progênies de meios-irmãos de batata-doce com base em caracteres agrônômicos.

O melhoramento de plantas é ferramenta valiosa para o aumento das características desejáveis de forma sustentável e ecologicamente equilibrada (BORÉM; MIRANDA, 2013). Para a cultura da batata-

doce o melhoramento não é feito por grandes empresas, devido ao baixo valor agregado da cultura. Diante disto, cabe às instituições governamentais como as universidades federais, institutos de ensino e de pesquisa públicos desenvolverem trabalhos com o objetivo de obter genótipos de alto desempenho, a fim de disponibilizá-los aos agricultores, em especial para as comunidades mais carentes.

Entre os trabalhos de melhoramento de batata-doce encontrados na literatura destacam-se os relacionados com tolerância a pragas e doenças. Como Narayanin; Thompson; Slabbert (2010) que avaliaram cultivares quanto a resistência a *Alternaria bataticola*, e Lin *et al.* (2017) buscaram identificar genes tolerantes ao *Fusarium oxysporum*.

Para as avaliações em populações segregantes temos na literatura Mwangi; Yencho; Moyer, (2002), que avaliaram a herança da resistência a doenças causadas por vírus, transmitidas por pulgões e moscas brancas em progênies de irmãos germanos. Thompson; Shineider; Graves (1994) estudaram danos causados por brocas da batata-doce em meios-irmãos. Já Silva *et al.* (2017) avaliaram a similaridade genética entre progênies de meios-irmãos de batata-doce com potencial para produção de etanol.

Para o melhoramento genético, a investigação do efeito do ambiente no comportamento do genótipo é importante. Gemenet *et al.* (2019) investigaram as interações genótipo ambiente e a precisão na avaliação utilizando o fenótipo em irmãos completos de batata-doce.

Pensando no rendimento total e na união de características desejáveis, pelo melhoramento clássico, Afuape *et al.* (2019) avaliando acessos de batata-doce conseguiram selecionar genótipos de alto rendimento que combinavam alto valor de betacaroteno e conteúdo de matéria seca em uma população segregante. Assim como Baafi *et al.* (2016) que identificaram progênies com alto conteúdo de betacaroteno e rendimento de raízes na África Ocidental.

O potencial da batata-doce como matéria prima para a indústria também é alvo de trabalhos de melhoramento, como na investigação do potencial de cruzamentos da cultura para a produção de amido e antocianina no sudeste dos Estados Unidos (TODD *et al.*, 2015). Assim como, avaliações relacionadas ao rendimento de matéria seca, importante para a indústria de processamento (SHUMBUSHA *et al.*, 2014).

Outro aspecto importante a ser estudado é a tolerância à seca. Rukundo *et al.* (2017) selecionou progênies de batata-doce para a tolerância à seca em Ruanda na África Oriental, e afirma que as progênies selecionadas são recursos genéticos valiosos para o melhoramento da batata-doce para tolerância à seca e rendimento na região e em locais semelhantes.

Devido à complexidade do genoma da batata-doce, as pesquisas são escassas em relação as demais culturas alimentares importantes. Atualmente, as informações disponíveis sobre o genoma da batata-doce são limitadas. Assim, são fundamentais os estudos que buscam uma abordagem eficiente no mapeamento do genoma da batata-doce. Feng *et al.* (2020) avaliaram a diversidade da estrutura genética da batata-doce, utilizando 81 acessos chegou a informações significativas sobre o genoma da batata-doce, que podem ser usadas para identificar novos genes e desenvolver ainda mais o mapa genético da batata-doce.

Os estudos de melhoramento da batata-doce são de grande importância, sobretudo em países em desenvolvimento, pois a batata-doce é uma cultura com ampla adaptação e que pode ser utilizada

para os mais diversos fins, com aproveitamento total da planta. Todas as iniciativas de melhoramento da cultura devem ser incentivadas.

3.5. A cultura da batata-doce e suas potencialidades

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L. (Lam.)) pertence à família Convolvulaceae (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008), e é uma das principais culturas básicas na alimentação, particularmente em países tropicais (LEBOT, 2008). A América Central é considerada o principal centro de diversidade da espécie, e a América do Sul o centro secundário de diversidade (ZHANG *et al.*, 2000). Alguns territórios brasileiros também são considerados o segundo centro de diversidade de *I. batatas*, devido à grande variabilidade existente (RITSCHER; THOMAZELLI; HUAMÁN, 1998).

A batata-doce apresenta ampla adaptação climática e a solos pobres e degradados. É cultivada em regiões localizadas desde a latitude de 42 °N até 35 °S, desde o nível do mar até 3.000 m de altitude (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008). Rendimentos de 25 a 30 t ha⁻¹ para a produtividade de raízes podem ser facilmente obtidos, com tecnologia minimamente apropriada. Porém a produtividade média está abaixo do potencial da cultura, que pode ser superior a 40 t ha⁻¹ (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2009).

A batata-doce tem alto potencial de produção, com aproveitamento total, tanto das raízes como da parte aérea. A planta pode ser largamente utilizada na alimentação humana, animal e como matéria-prima nas indústrias (CARDOSO *et al.*, 2005). O interesse no potencial da batata-doce na indústria de processamento está aumentando (TODD *et al.*, 2015). A cultura já é utilizada como matéria-prima para a indústria de alimentos, tecido, papel, cosmético, preparação de adesivos e álcool carburante (CARDOSO *et al.*, 2005). A crescente demanda por bioprodutos e o crescente interesse no desenvolvimento de culturas alternativas para promover a diversificação agrícola estimularam a pesquisa de matérias-primas alternativas para a produção de amidos, açúcares e outros produtos naturais de origem vegetal (HENRY, 2012).

A batata-doce é cultivada principalmente pela agricultura familiar, em todas as regiões do país (MONTEIRO *et al.*, 2007). A cultura produz grande quantidade de raízes em um ciclo relativamente curto, com baixa entrada de insumos. Pode ser plantada durante o ano inteiro. Comparada com culturas como milho e sorgo, a batata-doce é mais eficiente em quantidade de energia líquida produzida. (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008).

3.6. Biologia reprodutiva da batata-doce

A batata-doce pode ser propagada tanto vegetativamente como sexualmente, mas comercialmente é utilizada a propagação vegetativa. As flores da batata-doce são hermafroditas, perfeitas, dispostas em inflorescência do tipo cimeira, apresentando variações no tamanho e cor, dependendo da variedade (HUAMARI, 1992).

Os ovários são em número de dois por pistilo, e cada um tem dois óvulos. As anteras apresentam deiscência longitudinal, o gineceu consiste em um pistilo com ovário súpero, com dois carpelos e dois lóculos contendo um ou dois óvulos, o estigma é dividido em dois lobos. Na base do ovário, existe uma glândula amarela desenvolvida, contendo néctar, que atrai os insetos (HUAMARI, 1992).

Os frutos são do tipo cápsula, arredondados, podendo ser pubescentes ou glabros. Apresentam cor marrom quando maduros e podem conter de uma até quatro sementes por fruto, são considerados frutos secos e deiscentes, o que dificulta a colheita das sementes (JONES, 1965).

As sementes têm forma irregular ou levemente esféricas, com cor variando do marrom ao preto, e têm cerca 3 mm de comprimento. Sua germinação natural é dificultada pela impermeabilidade do tegumento, sendo considerada uma semente dura. No entanto, a germinação pode ser facilitada pelo uso de métodos de escarificação mecânica ou química (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008).

A abertura das flores da batata-doce se dá por volta das 05:00 horas, perdurando até o final da tarde, dependendo da temperatura (JONES, 1965). Logo que as flores abrem as anteras já estão deiscentes, porém, a receptividade do estigma só começa cerca de 30 minutos depois da antese, persistindo até uma hora antes do fechamento das flores (TOMITA *et al.*, 2004).

Ipomoea batatas, assim como várias espécies da família Convolvulaceae, apresenta o sistema de autoincompatibilidade do tipo esporofítico (AIE) (TOMITA *et al.*, 2004). Na AIE a especificidade é gerada pelo genótipo diploide da planta adulta (esporófito) que deu origem ao grão de pólen (SCHIFINO-WITTMANN; AGNOL, 2002).

Na propagação vegetativa, geralmente são utilizados fragmentos das ramas, sendo este método de grande eficiência. Logo, a obtenção de sementes é importante apenas para o melhoramento genético.

3.7. Experimentos com os genótipos do banco do germoplasma de batata-doce da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM)

A formação do banco de germoplasma de batata-doce da UFVJM iniciou-se em 2004 em Diamantina-MG, a partir de um projeto de recém-doutor aprovado pelo CNPq. Desde então, muitas pesquisas vem sendo conduzidas com acessos de batata-doce por meio de financiamentos pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), gerando aproximadamente 9 monografias de graduação, 8 dissertações de mestrado, uma tese de doutorado, 46 resumos simples, 29 resumos expandidos, 28 artigos publicados, além de já ter favorecido três estudantes de pós-doutorado. Tudo isso é indicativo da importância dos trabalhos desenvolvidos do ponto de vista científico e principalmente na formação de recursos humanos.

Os dois primeiros experimentos com batata-doce foram implantados em 2005, avaliando-se em cada um, 12 acessos (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2009; ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2012), encontrando destaque para o BD-06 (UFVJM05) e BD-45 (UFVJM28) pela maior produtividade de raízes.

Em experimento conduzido entre 2006 e 2007, foram avaliados 65 acessos. Neste experimento foi constatada grande variabilidade genética entre os acessos (NEIVA *et al.*, 2011), destacando-se os acessos BD-15, BD-42 (UFVJM25) e BD-67 (UFVJM41) pelos maiores valores de produtividade comercial de raízes e de massa verde de ramas (AZEVEDO *et al.*, 2015).

Em 2007 foi implantado o primeiro experimento visando estudar o potencial de uso das ramas para a alimentação animal (VIANA *et al.*, 2011). Verificaram-se que as silagens das ramas de batata-doce apresentaram teores proteicos, energéticos e perfil fermentativo adequados para utilização na alimentação animal.

Em 2008 foi conduzido um experimento em dois ambientes de cultivo, a fim de estabelecer qual o melhor número de dias para se realizar a colheita, visando alimentação humana e animal. Chegando à conclusão de que a colheita aos 150 dias após o plantio foi a época ideal para maximizar a produtividade de raízes (AZEVEDO *et al.*, 2014).

Posteriormente, em 2009 foi conduzido um experimento visando à avaliação de um número maior de genótipos quanto à qualidade de silagem (FIGUEIREIDO *et al.*, 2012). Neste experimento se destacaram os genótipos BD-25 (UFVJM15), BD-31-TO (UFVJM46), BD-38 (UFVJM23) e BD-42 (UFVJM25). A fim de identificar se os acessos avaliados neste experimento que quando cruzados poderiam gerar grande variabilidade genética, Azevedo *et al.* (2015) fez um estudo de divergência genética. Foi observado por esses autores que o acesso BD-31-TO (UFVJM46) é bastante dissimilar em relação aos demais, e que conseqüentemente, se cruzado com os demais genótipos pode gerar uma população segregante com grande variabilidade genética quanto à qualidade de silagem.

Outro trabalho sobre a qualidade de silagem de ramas de batata-doce também foi publicado por Pedrosa *et al.* (2015). Estes autores concluíram que considerando as ramas emurchecidas, os genótipos BD-26 (UFVJM16), BD-13 (UFVJM09), BD-56 (UFVJM37), BD-46 (UFVJM29), BD-35 (UFVJM21) e Brazlândia Rosada apresentam a composição bromatológica mais adequada à alimentação animal. Já para produção de silagens, o genótipo BD-56 (UFVJM37) foi o mais indicado.

Os estudos com alimentação animal prosseguiram com o objetivo de avaliar a qualidade da silagem de ramas de batata-doce com diferentes aditivos. Foram testados os aditivos: milho desintegrado com palha e sabugo, bagaço de cana de alambique, polpa cítrica e casca de café. O milho foi o mais recomendado para melhorar a qualidade da silagem (VALADARES *et al.*, 2019).

É comum nos bancos de germoplasma a existência de genótipos duplicados. Foi realizada a avaliação de 60 acessos por caracteres morfológicos e por marcadores moleculares do tipo SSR (ANDRADE *et al.*, 2017). Nesta pesquisa foi verificada grande dissimilaridade entre os genótipos, não havendo genótipos considerados duplicados.

Um problema encontrado no cultivo de batata-doce em Diamantina-MG foi o ataque de ácaros, identificando-se duas espécies prevalentes: *Tetranychus ludeni* Zacher 1913 (Acari: Tetranychidae) e *Tetranychus urticae* Koch 1836 (Acari: Tetranychidae) (SOARES *et al.*, 2012).

Em 2013 foram avaliados 54 acessos de batata-doce da UFVJM quanto à resistência ao ataque do ácaro *T. ludeni* (CASTRO *et al.*, 2019). Estes autores verificaram que os mais susceptíveis foram os acessos BD 29 (UFVJM18), BD 08 (UFVJM07), BD 57 (UFVJM38) e BD 17 (UFVJM10), já os demais apresentaram graus similares de resistência. Além disso, os autores identificaram também que folhas glabras com menor área foliar e maior quantidade de cera epicuticular aumentam a resistência ao ácaro. Conseqüentemente, estas características também podem ser consideradas em programas de melhoramento.

Visando o controle biológico dos ácaros *T. ludeni* e *T. urticae* foi encontrado em Diamantina um ácaro predador (*Phytoseiulus macropilis* Banks 1904 (Acari: Phytoseiidae)) na cultura da batata-doce (CASTRO *et al.*, 2014). Outra praga também identificada foi o pulgão *Myzus persicae* Sulzer, 1776 (Hemiptera: Aphididae) (CASTRO *et al.*, 2013), para o qual ainda não foram avaliados acessos resistentes.

Vários outros trabalhos foram desenvolvidos por esta equipe, entre os mais recentes, foi avaliando as capacidades fisiológicas e produção de matéria seca de acessos de batata-doce (FERREIRA *et al.*, 2019) e a qualidade do feno (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020).

4. REFERÊNCIAS

- ABREU, F. B.; LEAL, N. R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 3, p. 547-552, 2004.
- AFUAPE, S. O.; TONGOONA, P. B.; ASANTE, I. K.; EGESI, C. N.; NWAIGWE G.; OFFEI, S. K. Breeding new sweet potato genotypes combining elevated content of two antagonistic traits of high dry matter and beta-carotene content in a high root yield background. **Euphytica**, v. 215, n. 12, p. 211, 2019.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; FERNANDES, J. S. C.; FIGUEIREDO, J. A.; NUNES, U. R.; NEIVA, I. P. Selection of sweet potato clones for the region Alto Vale do Jequitinhonha. **Horticultura Brasileira**, v. 27, n. 3, p. 389-393, 2009.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; PINTO, N. A. V.D.; RIBEIRO, K. G.; PEREIRA, R. C.; NEIVA, I. P.; AZEVEDO, A. M.; ANDRADE, P. C. R. Características produtivas e qualitativas de ramas e raízes de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 4, p. 584-589, 2012.
- ANDRADE JUNIOR, V.C.; DONATO, L. M. S.; AZEVEDO, A.M.; GUIMARAES, A. G.; BRITO, O. G.; OLIVEIRA, D. M.; SILVA, A. J. M.; SILVA, L. R. Association between agronomic characters and hay quality of sweet potato branches. **Horticultura Brasileira**, v. 38, p. 27-32, 2020.
- ANDRADE, E. K. V.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; LAIA, M. L.; FERNANDES, J. S. C.; OLIVEIRA, A. J. M.; AZEVEDO, A. M. Genetic dissimilarity among sweet potato genotypes using morphological and molecular descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 4, p. 447-455, 2017.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Parâmetros genéticos e ganho com seleção em batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 01, 2015.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; SANTOS, A. A.; SOUSA JÚNIOR, A. S.; OLIVEIRA, A. J. M.; FERREIRA, M. A. M. Population parameters and selection of kale genotypes using Bayesian inference in a multi-trait linear model. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 1, p. 25-31, 2017.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; ELSAYED, A. Y.; PEDROSA, C. E.; NEIVA, I. P.; FIGUEIREDO, J. A. Influence of harvest time and cultivation sites on the productivity and quality of sweet potato. **Horticultura Brasileira**, v. 32, n. 1, p. 21-27, 2014.
- BAAFI, E.; BLAY, E. T.; OFORI, K.; GRACEN, V. E.; MANU-ADUENING, J.; CAREY, E. E. Breeding superior orange-fleshed sweet potato cultivars for West Africa. **Journal of Crop Improvement**, v. 30, n. 3, p. 293-310, 2016.
- BOLDRINI, J. L.; COSTA, S. I. R.; FIGUEIREDO, V. L.; WETZLER, H. G. Álgebra Linear. 3.ed. São Paulo: Editora Harbra Ltda, 1980. 407 p.

BOLSTAD, W. M. **Introduction to Bayesian statistics**. 2. ed. New Zealand: Wiley-Interscience, 2007. 433 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.

CARDOSO, A. D.; VIANA, A. E. S.; RAMOS, P. A. S.; MATSUMOTO, S. N.; AMARAL, C. L. F.; SEDIYAMA, T.; MORAIS, O. M. Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 4, p. 911-914, 2005.

CASTRO, B. M. C.; SOARES, M. A.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PIRES, E. M. Sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam): a new host for *Brevicoryne brassicae* (L.) and *Myzus persicae* (Sulzer) (Hemiptera: Aphididae). **Comunicata Scientiae**, v. 4, n. 2, p. 220-223, 2013.

CASTRO, B. M. C.; SOARES, M. A.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; SANTOS JÚNIOR, V. C.; FONTESA, P. C. R.; WILCKENE, C. F.; SERRÃO, J. E.; ZANUNCIOD, J. C. Preference of red mite *Tetranychus ludeni* Zacher (Acari: Tetranychidae) to sweet potato genotypes. **Brazilian Journal of Biology**, v. 79, n. 2, p. 208-212, 2019.

CASTRO, B. M. C.; SOARES, M.A.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; FADINI, M. A. M., FERREIRA, J. A. M.; MORAES, G. J. The predatory mite *Phytoseiulus macropilis* (Acari: Phytoseiidae) occurring on sweet potato (*Ipomoea batatas*) plants in Diamantina, Minas Gerais State, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 74, n. 3, p. 685, 2014.

CAVALCANTE, J. T.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; BORGES, V.; SILVA, P. P.; SILVA, J. W. Análise de trilha em caracteres de rendimento de clones de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 28, n. 2, p. 261-266, 2006.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; PAIXÃO, S. L. COSTA, J. G.; PEREIRA, R. G.; MADALENA, J. A. S. Potenciais produtivo e genético de clones de batata-doce. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, n. 3, p. 421-426, 2009.

CONGDON, P. **Bayesian statistical modeling**. 2.ed. London: Wiley-Interscience, 2006. 565 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

FENG, J.; ZHAO, S.; LI, M.; ZHANG, C.; QU, H.; LI, Q.; LI, J.; LIN, Y.; PU, Z. Genome-wide genetic diversity detection and population structure analysis in sweet potato (*Ipomoea batatas*) using RAD-seq. **Genomics**, v. 112, n. 2, p. 1978-1987, 2020.

FERREIRA, E. A.; PEREIRA, G. A. M.; ALVES, D. P.; AGAZZI, L. R. A.; SILVA, D. V.; ANDRADE JÚNIOR, V. V. Capacidades fisiológicas e produção de matéria seca de acessos de batata-doce. **Cultura Agrônômica: Revista de Ciências Agrônômicas**, v. 28, n. 4, p. 493-504, 2019.

FERREIRA, J. L.; GWINNER, R.; FERREIRA, L. M.; FERRONATO, J.; LEITE, L. G.; FERREIRA, K. G. G.; SILVA, J. C. R. L.; SANTOS, L. P.; SILVA, A. W. T. Understanding the extent of phenotypic variability in accessions of *Paspalum urvillei* Steud. from the USDA NPGS. **Iheringia. Série Botânica**, v. 75, 2020.

FIGUEIREDO, J. A.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEREIRA, R. C.; RIBEIRO, K. G.; VIANA, D. J. S.; NEIVA, I.P. Avaliação de silagens de ramas de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 4, p. 708-712, 2012.

FREITAS, J. A.; SANTOS, G. C.; SOUZA, V. S.; AZEVEDO, S. M. Resistência de clones de batata-doce, *Ipomoea batatas* L., aos nematóides causadores de galhas. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 23, n. 5, p. 1257-1261, 2001.

GEMENET, D. C.; BOECK, B.; PEREIRA, G. S.; KITAVI, M. N.; SSALI, R. T.; UTOBLO, O.; SWANCKAERT, J.; CAREY, E.; GRUNEBERG, W.; YADA, B.; YENCHO, C.; MWANGA, R. O. M. When a phenotype is not the genotype: Implications of phenotype misclassification and pedigree errors in genomics-assisted breeding of sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.]. **Biorxiv**, p. 747469, 2019.

HALLAUER, A. R.; CARENA, J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer-Verlag, 2010. 622p.

HENRY, R. J. **Plant resources for food, fuel and conservation**. London: Earthscan, 2012, 153p.

HUAMARI, Z. **Technical information bulletin 25: Systematic botany and morphology of the sweet potato plant**. Lima: International potato center 1992.

JOHNSON, L. R.; PECQUERIE, L.; NISBET, R. M. Bayesian inference for bioenergetic models. **Ecology**, v. 94, n. 4, p. 882-894, 2013.

JONES, A. Cytological observations, and fertility measurements of sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.]. **Proceedings of the American Society of Horticultural Sciences**, v.86, p.527-537, 1965.

KLAUENBERG, K.; WÜBBELER, G.; MICKAN, B.; HARRIS, P.; ELSTER, C. A tutorial on Bayesian Normal linear regression. **Metrologia**, v. 52, n. 6, p. 878-892, 2015.

LAURIE, S. M.; CALITZ, F. J.; ADEBOLA, P. O.; LEZAR, A. Characterization and evaluation of South African sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) LAM) land races. **South African Journal of Botany**, v. 85, p. 10-16, 2013.

LEBOT, V. Tropical root and tuber crops: cassava, sweet potato, yams and aroids. **CABI Publishing**, v. 97, 2008.

LIN, Y. ZOU, W.; LIN, S.; ONOFUA, D.; YANG, Z.; CHEN, H.; WANG, S.; CHEN, X. Transcriptome profiling and digital gene expression analysis of sweet potato for the identification of putative genes

involved in the defense response against *Fusarium oxysporum* f. sp. batatas. **Plos One**, v. 12, n. 11, 2017.

MANN, R. P. Bayesian inference for identifying interaction rules in moving animal groups. **Plos One**, v. 6, n. 8, 2011.

MATHEW, B.; LÉON, J.; SILLANPÄÄ, M. J. Integrated nested Laplace approximation inference and cross-validation to tune variance components in estimation of breeding value. **Molecular breeding**, v. 35, n. 3, p. 35-99, 2015.

MATZKE, D.; BOEHM, U.; VANDEKERCKHOVE, J. Bayesian inference for psychology, part III: Parameter estimation in nonstandard models. **Psychonomic bulletin & Review**, v. 25, n. 1, p. 77-101, 2017.

MOLINA, L. M. R.; SANCHES, A.; TORRES, J. M. C. Inferência bayesiana na análise de testes regionais de arroz em dois sistemas de cultivo. **Revista Facultad Nacional de Agronomía-Medellín**, v. 64, n. 1, p. 5883-5891, 2011.

MOLLINARI, M.; OLUKOLU, B. A.; PEREIRA, G. S.; KHAN, A.; GEMENET, D.; YENCHO G. C.; ZENG, Z. B. Unraveling the hexaploid sweetpotato inheritance using ultra-dense multilocus mapping. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 10, n. 1, p. 281-292, 2020.

MONTEIRO, A. B.; MASSAROTO, J. A.; GASPARINO, C. F.; SILVA, R. R.; GOMES, L. A. A.; MALUF, W. R.; FILHO, J. C. S. Silagens de cultivares e clones de batata doce para alimentação animal visando sustentabilidade da produção agrícola familiar. **Cadernos de Agroecologia**, v. 2, n. 2, 2007.

MOULIN, M. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; SUDRÉ, C. P.; SANTOS, M. H.; SILVA, J. R. P. Collection and morphological characterization of sweet potato landraces in north of Rio de Janeiro state. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 2, p. 286-292, 2012.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetic and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

MWANGA, R. O. M.; YENCHO, G. C.; MOYER, J. W. Diallel analysis of sweet potatoes for resistance to sweet potato virus disease. **Euphytica**, v. 128, n. 2, p. 237-248, 2002.

NARAYANIN, C. D.; THOMPSON, A. H.; SLABBERT, M. M. Greenhouse screening of South African sweet potato cultivars and breeding lines for tolerance to *Alternaria* blight caused by *Alternaria bataticola*. **African Plant Protection**, v. 16, n. 1, p. 10-13, 2010.

NASCIMENTO, M.; SILVA, F. F.; SÁFADI, T.; NASCIMENTO, A. C. C.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C.D. Abordagem bayesiana para avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de alfafa. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 46, n. 1, p. 26-32, 2011.

NEIVA, I. P.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; FIGUEIREDO, J. A.; MENDONÇA FILHO, C. V.; PARRELLA, R. A. C.; SANTOS, J. B. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, Diamantina. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 4, p. 537-541, 2011.

NOGUEIRA, D. A.; SÁFADI, T.; BEARZOTI, E.; BUENO FILHO, J. S. S. Análises clássica e Bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 27, p. 1614-1624, 2003.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D. Variabilidade genética em batata-doce com base em marcadores isoenzimáticos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 576-582, 2002.

OLIVEIRA, A. P.; MALHADO, C. H. M.; BARBOSA, L. T.; FILHO, R. M.; CARNEIRO, P. L. S. Inferência bayesiana na avaliação genética de bovinos da raça tabapuã do nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 4, p. 227 -234, 2015.

PEDROSA, C. E.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEREIRA, R. C.; DORNAS, M. F. S.; AZEVEDO, A. M.; FERREIRA, M. A. M. Yield and quality of wilted sweet potato vines and its silages. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 3, p. 283-289, 2015.

PENA, S. D. Thomas Bayes: 'o cara!' **Ciência Hoje**, v. 38, n. 238, 2006.

PEREZ-ELIZALDE, S.; JARQUIN, D.; CROSSA, J. A general Bayesian estimation method of linear-bilinear models applied to plant breeding trials with genotypex environment interaction. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 17, n. 1, p. 15-37, 2011.

PURUGGANAN, M. D.; FULLER, D.Q. The nature of selection during plant domestication. **Nature**, v. 457, n. 7231, p. 843-848, 2009.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Brasília: Embrapa Florestas, 2005. 130p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V.; DUDA, L. L.; GUIMARÃES, P. R. B.; FERNANDES, J. S. C. Análise de modelos lineares mistos via inferência Bayesiana. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 19, p. 41-70, 2001.

RIBEIRO, L. H. M.S.; COSTA, M. S.; BEIJO, L. A.; AGUIRRE, A. F. L.; ARAÚJO, T. G.; ALVES, J. S. Bayesian Modelling of the effects of nitrogen doses on the morphological characteristics of braquiaria grass. **Revista Agro Ambiente On-line**, v. 12, n. 4, p. 245-257, 2018.

RITSCHER, P. S.; THOMAZELLI, L. F.; HUAMÁN, Z. Caracterização morfológica do germoplasma de batata-doce mantido pela EPAGRI. Brasília: **Embrapa Hortaliças**, n.16, 1998.

ROULLIER, C.; DUPUTIE, A.; WENNEKES, P.; BENOIT, L.; BRINGAS, V. M. F.; ROSSEL, G.; TAY, D.; MCKEY, D.; LEBOT, V. Disentangling the origins of cultivated sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Plos One**, v. 8, n. 5, 2013.

RUKUNDO, P.; SHIMELIS, H.; LAING, M.; GAHAKWA, D. Combining ability, maternal effects, and heritability of drought tolerance, yield and yield components in sweetpotato. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 1981, 2017.

SANTOS, D. N.; FERREIRA, J. L.; PASQUAL, M.; GENEROSO, A. L.; SETOTAW, T. A.; CANÇADO, G. M. A.; VENDRAME, W. A. Population structure of jatropha and its implication for the breeding program. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1-11, 2016.

SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; AGNOL, M. D. Auto-incompatibilidade em plantas. **Ciência Rural**, v.32, n.6, p.1083-1090, 2002.

SHUMBUSHA, D.; TUSIIME, G.; EDEMA, R.; GIBSON, P.; ADIPALA, E.; MWANGA, R. O. M. Inheritance of root dry matter content in sweet potato. **African Crop Science Journal**, v. 22, n. 1, p. 69-78, 2014.

SILVA, J. C.; TAVARES, A. T.; QUITÉRIA, F.; ALVES, G.; VAZ, J. C.; MOMENTÉ, V. G.; NASCIMENTO, I. R. Similaridade genética entre progênes de meios-irmãos de batata-doce com base em caracteres agronômicos. **Desafios**, v. 4, n. 4, p. 70-83, 2017.

SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MAGALHÃES, J.S. Batata-doce: *Ipomoea batatas*. Brasília: **Embrapa-CNPQ**, n. 6, 2008.

SILVA, M. A. G. **Modelos mistos na seleção entre e dentro de famílias de cana de açúcar sob o enfoque bayesiano**. 2012. 59 f. Dissertação (Mestrado em Estatística aplicada a Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

SILVA, M. I. S.; BEARZOTI, E.; BUENO FILHO, J. S. S. Análise bayesiana do modelo de herança monogênica no melhoramento vegetal: um exemplo com abobrinha. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, n. 6, p. 1463-1468, 2009.

SOARES, M.A.; CASTRO, B. M. C.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; ASSIS JÚNIOR, S. L.; PIRES, E. M. Attack of two new spider mites on sweet potato (*Ipomoea batatas*) in Diamantina, Minas Gerais State, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 72, n. 4, p. 971-971, 2012.

SOUSA, T. V.; CAIXETA, E. T.; ALKIMIM, E. R.; OLIVEIRA, A. C. B.; PEREIRA, A. A.; SAKIYAMA, N. S.; ZAMBOLIM, L.; RESENDE, M. D. V. Early selection enabled by the implementation of genomic selection in *Coffea arabica* breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1934, 2019.

SOUZA, A.B. Avaliação de cultivares de batata-doce quanto a atributos agronômicos desejáveis. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 24, n. 4, p. 841-845, 2000.

TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 237-243, 2012.

TEODORO, P. E.; NASCIMENTO, M.; TORRES, F. E.; BARROSO, L. M. A.; SAGRILO, E. Perspectiva bayesiana na seleção de genótipos de feijão-caupi em ensaios de valor de cultivo e uso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 878-885, 2015.

TESFAYE, L. M.; BINK, M. C. A. M.; LANS, I. A. V. D.; GREMMEN, B.; TRIJP, H. C. M. V. Bringing the voice of consumers into plant breeding with Bayesian modelling. **Euphytica**, v. 189, n. 3, p. 365-378, 2013.

THOMPSON, P. G.; SCHNEIDER, J. C.; GRAVES, B. Genetic variance component and heritability estimates of freedom from weevil injury to sweet potato. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 119, n. 3, p. 620-623, 1994.

TIMPANI, V. D.; NASCIMENTO, T. E. C. Uma Breve Introdução à Estatística Bayesiana Aplicada ao Melhoramento Genético Animal. **Embrapa Amazônia Oriental-Documentos (INFOTECA-E)**, 2015.

TODD, S. M.; TRUONG, V. D.; PECOTA, K. V.; YENCHO, G. C. Combining ability of sweet potato germplasm for yield, dry matter content, and anthocyanin production. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 140, n. 3, p. 272-279, 2015.

TOMITA, R. N.; SUZUKI, G.; YOSHIDA, K.; YANO, Y.; TSUCHIA, T.; KAKEDA, K.; MUKAI, Y.; KOWYAMA, Y. Molecular characterization of a 313-kb genomic region containing the self-incompatibility locus of *Ipomoea trifida*, a diploid relative of sweet potato. **Breeding Science**, v.54, n.2, p. 165-175, 2004.

VALADARES, N. R.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEREIRA, R. C.; FIALHO, C. M. T.; FERREIRA, M. A. M. Qualidade de silagem de ramas de batata-doce com diferentes aditivos. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 2, p. 506-513, 2019.

VIANA, D. J. S. ; ANDRADE JÚNIOR, V. C. ; RIBEIRO, K.G. ; PINTO, N.A.V.D. ; NEIVA, I. P. ; FIGUEIREDO, J. A. ; LEMOS, V.T. ; PEDROSA, C.E. ; AZEVEDO, A.M. . Potencial de silagens de ramas de batata-doce para alimenta o animal. **Ci ncia Rural**, v. 41, p. 1466-1471, 2011.

VIANA, J. M. S.; SOBREIRA, F. M.; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, n.6, p. 599-604, 2010.

YANG, J.; MOEINZADEH, M.H.; KUHLE, H.; HELMUTH, J.; XIAO, P.; LIU, G.; ZHENG, J.; SUN, Z.; FAN, W.; DENG, G.; WANG, H.; HU, F.; FERNIE, A. R.; TIMMERMANN, B.; ZHANG, P.; VINGRON, M. The haplotype-resolved genome sequence of hexaploid *Ipomoea batatas* reveals its evolutionary history. **BioRxiv**, v. 64428, p. 1-30, 2016.

ZARBIN, M. A. Personalized medicine: Bayesian inference as applied to the measurement of glaucomatous visual field loss. **Jama ophthalmology**, v. 131, n. 7, p. 837-838, 2013.

ZHANG, D.; CERVANTES, J.; HUAMÁN, Z.; CAREY, E.; GHISLAIN, M. Assessing genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical America using AFLP. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.47, p. 659-665, 2000.

5. ARTIGOS

5.1. Artigo 1: Abordagem bayesiana na estimativa de parâmetros genéticos e ganho de seleção em batata-doce.

Este artigo foi elaborado conforme normas do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal.

RESUMO

A seleção de genótipos superiores de batata-doce aliada à inferência bayesiana é uma estratégia importante para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético com a cultura. A inferência bayesiana gera estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos mais precisos quando comparados com as metodologias estatísticas utilizadas frequentemente. Além disso, possibilita o aproveitamento do conhecimento *a priori* oriundo de experimentos prévios. Com isso, objetivou-se utilizar o conhecimento prévio de experimentos anteriores, por meio da inferência bayesiana com *priori* informativa, para obter estimativas de parâmetros genéticos, ganhos de seleção, prever valores genéticos e selecionar melhores genótipos de batata-doce utilizando a abordagem bayesiana com *priori* informativa. Foram avaliados 24 clones de batata-doce quanto à produtividade de raízes e ramos, formato de raiz e resistência a insetos do solo. Os dados foram analisados por meio da inferência bayesiana considerando dados de 11 experimentos anteriores para a obtenção da *priori* informativa. A inferência bayesiana é uma ferramenta útil para a tomada de decisão. As variáveis formato de raízes, resistência a insetos do solo e produtividade de raízes comerciais apresentaram maior potencial de serem melhoradas. São esperados ganhos expressivos para a população melhorada com a seleção dos genótipos avaliados. Os clones UFVJM06, UFVJM40, UFVJM54, UFVJM09 e CAMBRAIA se destacaram dos demais e podem ser utilizados como genitores em futuros programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Melhoramento genético. Teorema de bayes. *Priori* informativa. Biometria. Estatística.

5.1.1. Introdução

O melhoramento genético maximiza a produtividade e qualidade dos cultivos, garantindo a oferta de alimentos para a humanidade. A seleção de genótipos superiores é o primeiro passo, e fundamental para estabelecer um programa de melhoramento para a cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). Para selecionar genitores é necessário obter os componentes de variância para estimar parâmetros genéticos, prever valores genéticos (OLIVEIRA *et al.*, 2014) e estimar ganhos de seleção. Isto geralmente é feito por meio da estatística frequentista, porém pode ser feito vantajosamente pela abordagem bayesiana (AZEVEDO *et al.*, 2017).

A inferência bayesiana combina a informação *a priori* e a função de verossimilhança, originando a distribuição *a posteriori* por meio do Teorema de Bayes (OLIVEIRA *et al.*, 2015). A principal vantagem disso está na utilização da informação *a priori*, que resulta da experiência do pesquisador e/ou dados experimentais. Ao se considerar tais informações tem-se uma avaliação mais coerente e robusta (KLAUENBERG *et al.*, 2015), sem dispensar a informação de pesquisas pré-existentes. Os resultados obtidos pela inferência bayesiana são mais informativos e úteis quando comparados com os métodos frequentistas, além de permitir melhor interpretação dos resultados (SILVA; BENAVIDES, 2001). No melhoramento a inferência bayesiana gera estimativas dos componentes de variância, valores genéticos e ganhos genéticos mais precisos quando comparados com os métodos tradicionais (RESENDE *et al.*, 2001).

O melhoramento da batata-doce vem ganhando espaço nas instituições públicas, devido ao grande potencial da cultura e sua importância na agricultura familiar. A batata-doce é uma hortaliça tuberosa, cultivada em praticamente todo o território brasileiro. Se destaca pela rusticidade, tolerância à seca e adaptação a diferentes tipos de solo e clima (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2012) e seu uso na produção de etanol (MARTINS *et al.*, 2012).

Logo, objetivou-se utilizar o conhecimento prévio de experimentos anteriores, por meio da inferência bayesiana com *priori* informativa, para obter estimativas de parâmetros genéticos, ganhos de seleção e selecionar melhores genótipos de batata-doce.

5.1.2. Material e métodos

Foram avaliados no Instituto de Ciências Agrárias (ICA) - Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Campus Montes Claros-MG (Coordenadas: 16°40'58.16"S e 43°50'20.15"O) 24 clones elites de batata-doce provenientes do banco de Germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). Estes clones foram selecionados em experimentos prévios conduzidos na UFVJM.

Para a produção das mudas foram retiradas estacas de ramos dos 24 clones (UFVJM25, Brazlândia Roxa - BZROXA, UFVJM07, BELGARD, UFVJM28, CAMBRAIA, ARRUBA, UFVJM05, UFVJM44, UFVJM40, UFVJM01, UFVJM15, Cariru Vermelha - CARIRUVERM, UFVJM09, UFVJM31, Tomba Carro 1 - TCARRO01, PRINCESA, UFVJM37, UFVJM41, UFVJM06, UFVJM56, UFVJM29, UFVJM54, UFVJM21), com aproximadamente 20 cm de comprimento, que posteriormente foram mantidas em vasos de polietileno (5 Litros) com substrato comercial por 15 dias, para o enraizamento. Em seguida as mudas foram levadas para o campo.

Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela composta por 10 plantas. O espaçamento utilizado foi um metro entre leiras e 0,30 metros entre plantas e a irrigação por aspersão (AZEVEDO *et al.*, 2015). No período crítico de estabelecimento da cultura, a irrigação foi aplicada todos os dias, para manter a superfície do solo com bom teor de umidade e promover um bom pegamento das mudas. Após esse período a irrigação foi aplicada duas vezes na semana.

O experimento foi instalado em solo cambissolo háplico. A adubação de plantio foi realizada de acordo com a análise do solo e as recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2008). Foi feita a aplicação de 180 kg ha⁻¹ de fósforo e 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio. Aos 30 dias do plantio das mudas foi feita uma adubação de cobertura com 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio. A adubação de potássio não foi necessária de acordo com a análise química do solo.

A colheita foi realizada aos 165 dias após o plantio, sendo que as ramas foram cortadas rente ao solo, com o auxílio de tesouras de poda e as raízes colhidas manualmente com o auxílio de enxadas. Imediatamente após a colheita as ramas e raízes foram pesadas e separadas para a obtenção das seguintes variáveis: produtividade de massa verde de ramas (PMVR); produtividade total de raízes (PTR); produtividade de raízes comerciais (PRC); peso médio de raízes comerciais (PMRC); formato de raízes (FORM) e resistência a insetos do solo (RI).

Para a PMVR foi obtido o peso total de ramas por parcela e o resultado expresso em t ha⁻¹. A PTR foi estimada pesando todas as raízes da parcela e o resultado foi expresso em t ha⁻¹. Para a característica PRC foram consideradas como comercializáveis raízes entre 0,1 e 0,8 quilos sem rachaduras, deformações, esverdeamentos, danos por insetos ou presença de veias, os resultados foram expressos em t ha⁻¹ (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018). O PMRC foi obtido pela razão entre PRC e o número de raízes comerciais, expresso em gramas.

Foi utilizada a escala de notas para o FORM: nota 1 para raízes com formato fusiforme (excelente); nota 2 para raízes predominantemente fusiformes (bom); nota 3 para raízes com formato irregular, não fusiforme (aceitável); nota 4 para raízes com formato muito irregular (ruim); nota 5 para raízes deformadas (péssimo) (AZEVEDO *et al.*, 2002). Já para a RI, utilizou-se a seguinte escala: nota 1 para raízes livres de danos causados por insetos; nota 2 para raízes com poucos danos, porém observáveis; nota 3 para danos verificados sem muito esforço visual; nota 4 para danos muito claros, abrangendo a maior parte da superfície; nota 5 para danos abrangendo toda a superfície (AZEVEDO *et al.*, 2002).

A escala de notas utilizadas para o FORM e RI foram obtidas por três avaliadores previamente treinados. Estas variáveis são qualitativas ordinais, logo foi obtida a média das notas dos três avaliadores, sendo que as notas foram dadas para cada parcela. Segundo Pimentel-Gomes (2009) dados obtidos pela média de medições de três ou mais avaliadores para variáveis qualitativas ordinais podem ser analisados estatisticamente com as mesmas técnicas das variáveis quantitativas.

Para a análise estatística considerou-se o modelo $y = X_r + Bcov + Z_g + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genéticos e e é o vetor de erros. O coeficiente cov refere-se à regressão associada à covariável (número de plantas por parcela). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Assumindo $e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$, a distribuição amostral dos dados observados (função de verossimilhança) é: $y|r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2 \sim N(X_r + Bcov + Z_g, I\sigma_e^2)$. Sendo I a matriz identidade e σ_g^2 e σ_e^2 os componentes de variância associados aos efeitos genotípicos e residuais, respectivamente.

A distribuição *a priori* para os parâmetros de locação (efeitos fixos e aleatórios) do modelo é dada por:

$$\begin{aligned} r &| \mu_r, I_r, \sigma_r^2 \sim N(\mu_r, I_r, \sigma_r^2) \\ cov &| \mu_{cov}, I_{cov}, \sigma_{cov}^2 \sim N(\mu_{cov}, I_{cov}, \sigma_{cov}^2) \\ g &| I_g, \sigma_g^2 \sim N(0, I_g, \sigma_g^2) \end{aligned}$$

Onde μ_r e σ_r^2 são os parâmetros conhecidos (hiperparâmetros) da distribuição normal multivariada associada ao efeito de blocos, com matriz de covariância dada por $I_r\sigma_r^2$, sendo I_r a matriz identidade. μ_{cov} e σ_{cov}^2 são os hiperparâmetros da distribuição normal multivariada associada ao efeito da covariável, com matriz de covariância dada por $I_{cov}\sigma_{cov}^2$ sendo I_{cov} a matriz identidade. Para os componentes de variância σ_g^2 e σ_e^2 , foram assumidas como *priori* as distribuições qui-quadrado escalonada invertida a seguir:

$$\begin{aligned} \sigma_g^2 &| V_g, S_g \sim V_g S_g \chi_g^{-2} \\ \sigma_e^2 &| V_e, S_e \sim V_e S_e \chi_e^{-2} \end{aligned}$$

Sob o Teorema de Bayes, a distribuição conjunta *a posteriori* de todos os parâmetros desconhecidos (r, cov, g, σ_g^2 e σ_e^2) é proporcional ao produto da função de verossimilhança com a distribuição *a priori*. Assim, a formulação geral deste teorema é:

$$P(r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2 | y) \propto P(y | r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2) \times P(r | \mu_r, I_r, \sigma_r^2) \times P(cov | \mu_{cov}, I_{cov}, \sigma_{cov}^2) \times P(g | \mu_g, I_g, \sigma_g^2) \times P(\sigma_g^2 | V_g S_g) \times P(\sigma_e^2 | V_e S_e)$$

Utilizando a respectiva densidade de probabilidade das distribuições *a priori*, a equação da distribuição conjunta *a posteriori* pode ser obtida por:

$$\begin{aligned} P(r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2 | y) &\propto (\sigma_e^2)^{-\frac{N}{2}} \exp\left\{-\frac{[y-(X_r+Bcov+Z_g+e)]^t [y-(X_r+Bcov+Z_g+e)]}{2\sigma_e^2}\right\} \chi(\sigma_r^2)^{-\frac{n_r}{2}} \\ &\exp\left[-\frac{(r-u_r)^t (r-u_r)}{2\sigma_r^2}\right] \chi(\sigma_{cov}^2)^{-\frac{1}{2}} \exp\left[-\frac{(cov-u_{cov})^t (cov-u_{cov})}{2\sigma_{cov}^2}\right] \chi(\sigma_g^2)^{-\frac{n_r}{2}} \exp\left(-\frac{g^t g}{2\sigma_g^2}\right) \chi(\sigma_e^2)^{-\frac{V_g+1}{2}} \exp\left(-\frac{V_g S_g}{2\sigma_g^2}\right) \chi \\ &(\sigma_e^2)^{-\frac{V_e+1}{2}} \exp\left(-\frac{V_e S_e}{2\sigma_e^2}\right) \end{aligned}$$

A inferência estatística dos parâmetros da equação anterior é realizada na distribuição conjunta *a posteriori*, $P(\cdot | y)$, para cada um destes parâmetros. A fim de obter essas distribuições, integrais devem ser obtidas, as quais não tem solução analítica. Dessa forma, recorreu-se ao algoritmo MCMC para gerar amostras aleatórias das distribuições marginais indiretamente. Em termos gerais, definindo $\theta = [\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_p]$ o conjunto de todos os p parâmetros, a distribuição *a posteriori* condicional completa (DPCC) para um particular parâmetro θ_k é denotada por $P(\theta_k | \theta_1, \dots, \theta_{k-1}, \theta_{k+1}, \dots, \theta_p, y)$. Sendo esta DPCC caracterizada como famílias conhecidas de distribuição de probabilidade, as quais apresentam forma fechada, o amostrador Gibbs Sampler pôde ser utilizado.

Para utilizar *prioris* informativas, dados de 11 experimentos com acessos que compõe o banco de germoplasma em estudo foram considerados (Tabela 1). O inverso dos valores médios dos componentes de variância (variância genética e residual) obtidos ($\bar{\tau} = 1/\bar{\sigma}^2$) e suas respectivas variâncias ($S_{\bar{\tau}}^2$) foram calculados e igualados às esperanças e variâncias da distribuição

$gamma(\alpha, \beta): \bar{\tau} = \alpha/\beta$ e $S_{\bar{\tau}}^2 = \alpha/\beta^2$. Assim, foi possível definir $\alpha = \bar{\tau}/S_{\bar{\tau}}^2$ e $\beta = \bar{\tau}^2/S_{\bar{\tau}}^2$, resultando em $\bar{\tau} = 1/\sigma^2 \sim gamma(\alpha, \beta)$ que é uma *priori* informativa, em que a esperança e variância são coincidentes com a média e variância, respectivamente. Metodologia similar também foi aplicada por Silva *et al.* (2013), Teodoro *et al.* (2015) e Euzébio *et al.* (2018).

Tabela 1: Ano de execução, número de genótipos, número de repetições e locais de 11 experimentos de batata-doce com genótipos do banco de germoplasma da UFVJM.

Ensaio	Ano	Nº Genótipos	Nº de repetições	Local
1	2009	12	4	Diamantina, MG
2	2007/08	65	3	Diamantina, MG
3	2013	72	4	Diamantina, MG
4	2007	6	3	Diamantina, MG
5	2005	12	4	Diamantina, MG
6	2005	12	4	Diamantina, MG
7	2009	8	3	Diamantina, MG
8	2009	8	3	Faz. Forquilha ¹
9	2009	15	4	Diamantina, MG
10	2010/11	15	4	Couto Magalhaes de Minas, MG
11	2015/16	10	5	Diamantina, MG

Nota: Fazenda Forquilha=localizada no Distrito de Batatal, município de Diamantina, MG, UFVJM= Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri

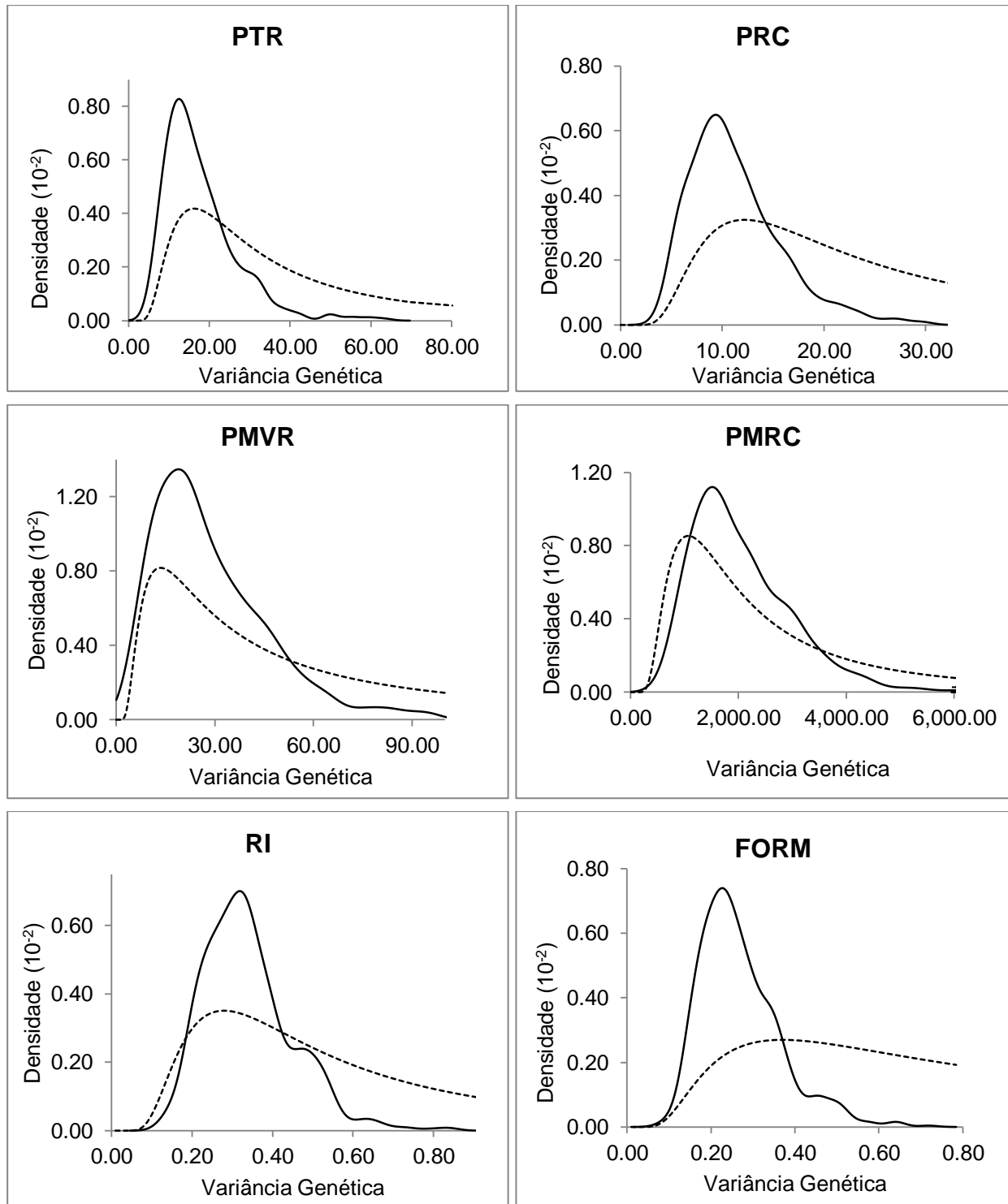
Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Todas as análises foram feitas com o auxílio do software R. Para a cadeia MCMC foram arbitradas 10000 iterações, *burn-in* de 1000 iterações e *thin* de 15 iterações por meio do pacote *rjags* (PLUMMER, 2019). A partir das distribuições *a posteriori* dos componentes de variância foi estimada a herdabilidade, coeficiente de variação genotípico, coeficiente de variação residual e índice de variação relativo. Além disso, foram estimados os ganhos de seleção direto, indireto e simultâneo pelo método de Mulamba e Mock (1978), o índice de seleção utilizado foi de 30%. Para cada parâmetro foi obtida a média, moda, mediana, intervalo de credibilidade (95%) e teste Geweke para convergência pelo pacote *boa* (SMITH, 2007).

5.1.3. Resultados

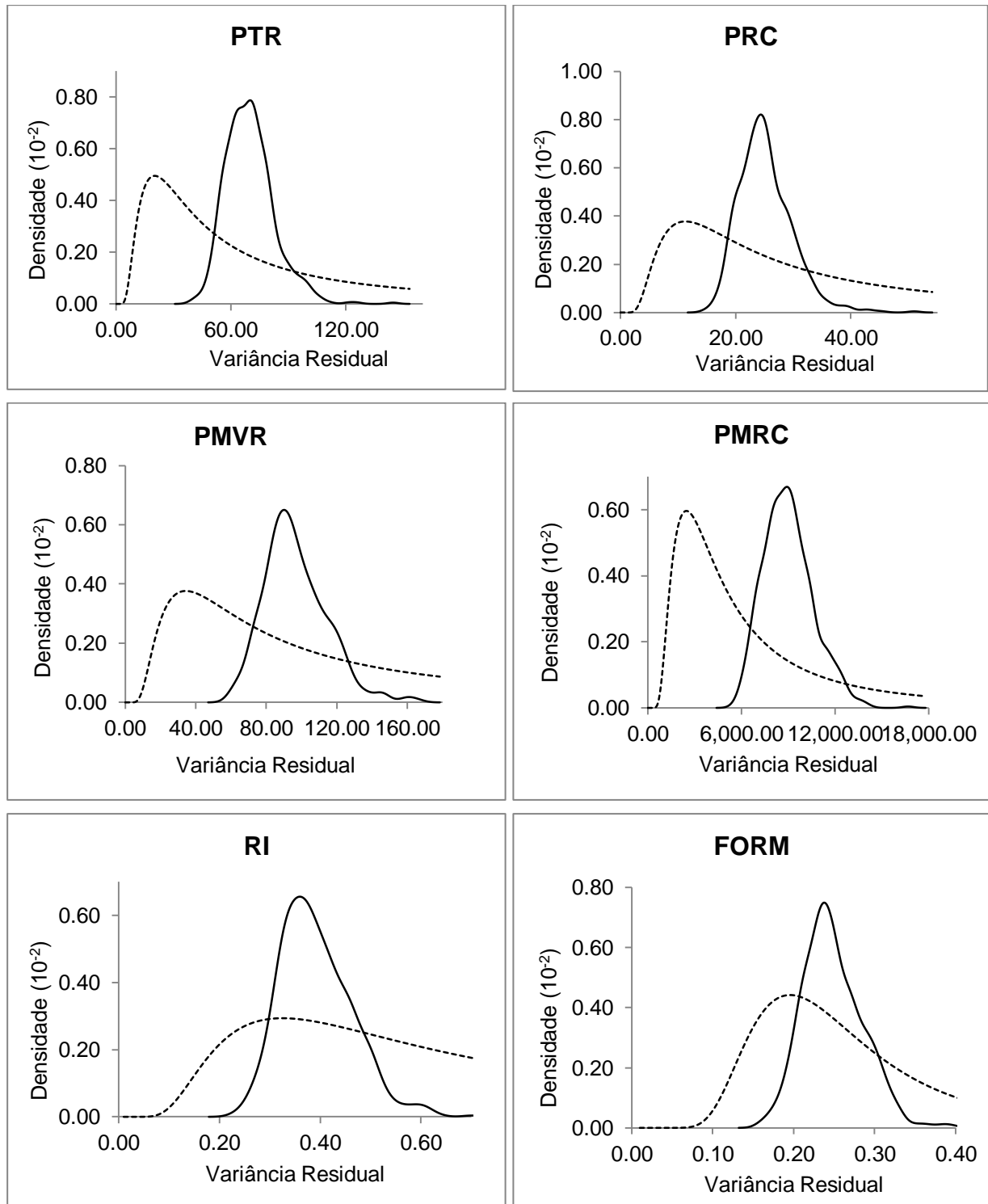
Para a maioria das variáveis avaliadas, a distribuição *a posteriori* apresentou-se próxima à distribuição *a priori* para a variância genética. RI e FORM foram as variáveis onde pode ser observada menor proximidade entre as distribuições *a priori* e *a posteriori* (Figura 1). Para a variância residual houve menor proximidade entre a distribuição *a priori* e *a posteriori*, sendo que *a posteriori* tendeu maior valor (Figura 2). Foram observados valores altos de coeficiente de variação residual para as variáveis avaliadas (Tabela 2).

Figura 1: Distribuição *a priori* (---) e *a posteriori* (—) para a variância genética na produtividade total de raízes (PTR), produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramos (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM) avaliados em clones de batata-doce.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Figura 2: Distribuição *a priori* (---) e *a posteriori* (—) para a variância residual na produtividade total de raízes (PTR) produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramas (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM) avaliados em clones de batata-doce.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Tabela 2: Média (Me), mediana (Md), moda (Mo), intervalos de credibilidade (HPD) das densidades *posteriores* e valor de p do teste de Geweke das estimativas de herdabilidade, coeficiente de variação genotípico (%), coeficiente de variação residual (%) e coeficiente de variação relativo em genótipos de batata-doce.

Variáveis	Análises Descritivas			HPD (95%)		p -valor (Geweke)
	Me	Md	Mo	Inf.	Sup.	
Herdabilidade						
PTR	0,20	0,18	0,15	0,06	0,36	0,93
PRC	0,30	0,30	0,29	0,15	0,48	0,81
PMVR	0,22	0,20	0,16	0,05	0,44	0,69
PMRC	0,19	0,17	0,13	0,07	0,34	0,23
FORM	0,51	0,51	0,54	0,33	0,68	0,63
RI	0,46	0,45	0,41	0,29	0,63	0,85
Coeficiente de variação genotípico (%)						
PTR	21,26	20,41	17,71	11,99	30,54	0,94
PRC	31,60	30,82	30,20	21,18	44,44	0,33
PMVR	18,99	18,06	17,00	8,11	29,62	0,71
PMRC	14,87	14,41	13,20	9,02	21,24	0,28
FORM	18,33	17,95	17,42	13,04	25,04	0,45
RI	22,90	22,68	22,74	16,76	29,96	0,34
Coeficiente de variação residual (%)						
PTR	43,16	43,05	41,52	36,36	51,18	0,91
PRC	47,92	47,60	47,94	39,78	55,87	0,14
PMVR	36,05	35,65	35,57	29,62	42,21	0,91
PMRC	31,58	31,50	30,14	26,92	37,50	0,92
FORM	17,83	17,70	17,34	15,57	20,58	0,78
RI	24,85	24,61	23,18	20,57	28,91	0,06
Coeficiente de variação relativo						
PTR	0,50	0,48	0,42	0,26	0,74	0,94
PRC	0,66	0,65	0,64	0,42	0,96	0,78
PMVR	0,54	0,50	0,43	0,23	0,90	0,72
PMRC	0,48	0,46	0,39	0,27	0,73	0,24
FORM	1,03	1,01	1,08	0,69	1,44	0,50
RI	0,93	0,91	0,83	0,61	1,26	0,84

Nota: Variáveis= Produtividade de massa verde de ramos (PMVR), produtividade total de raízes (PTR), produtividade de raízes comerciais (PRC), peso médio de raízes comerciais (PMRC), Formato de raízes (FORM), resistência a insetos do solo (RI).

Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

As estimativas de valores de p obtidas pelo teste de Geweke foram superiores a 0,05 para todas as características, indicando a convergência no processo iterativo. Valores próximos de média, mediana

e moda para a distribuição a posteriori dos parâmetros obtidos foram encontrados (Tabela 2), indicando que as distribuições foram aproximadamente simétricas.

Os maiores valores de herdabilidade foram encontrados para as características FORM, RI e PRC, não diferindo pelo intervalo de credibilidade das demais características. A PRC, RI e PTR apresentaram maior coeficiente de variação genotípica, não diferindo dos demais, pelo intervalo de credibilidade (Tabela 2).

A distribuição *a posteriori* do coeficiente de variação residual variou de uma moda de 17,34 para o FORM à 47,94 para a PRC. Sendo que a PRC apresentou maior estimativa de coeficiente de variação residual, diferindo das variáveis PMRC, FORM e RI (Tabela 2).

Apenas o FORM apresentou média, moda e mediana da distribuição *a posteriori* do coeficiente de variação relativo superior a 1,00. Porém, para RI o valor 1,00 esteve contido dentro intervalo de credibilidade (Tabela 2).

As variáveis PRC, RI, PTR e PMVR apresentaram maior ganho estimado de seleção, com estimativas em torno de 32%, 24%, 22% e 21%, respectivamente (Tabela 3). As demais características apresentaram menores estimativas para o ganho de seleção, porém ganho inferior a 15% não foi observado (Figura 3).

Tabela 3: Ganho de seleção direta (diagonal principal), indireta (fora da diagonal) e simultânea (MM - Mulamba e Mock) em 24 clones de batata doce.

Variáveis	Critério de seleção						
	PTR	PRC	PMVR	PMRC	FORM	RI	MM
PTR	21,91	17,41	6,33	2,85	0,37	-4,02	7,36
PRC	8,67	32,34	4,07	-4,62	-0,68	-6,24	9,63
PMVR	6,77	6,00	20,57	8,78	0,97	6,59	12,04
PMRC	-3,70	1,84	-9,56	-15,81	-1,49	-3,12	-5,29
FORM	-2,59	-7,62	-1,98	-3,38	-16,62	-15,24	-7,98
RI	3,45	1,59	-3,27	-4,3	-11,58	-24,12	-9,82

Nota: PTR= produtividade de raízes, PRC= produtividade de raízes comerciais, PMVR= produtividade de massa verde de ramas, PMRC=peso médio de raízes comerciais, FORM= formato de raízes, RI= resistência a insetos do solo, MM= Mulamba e Mock.

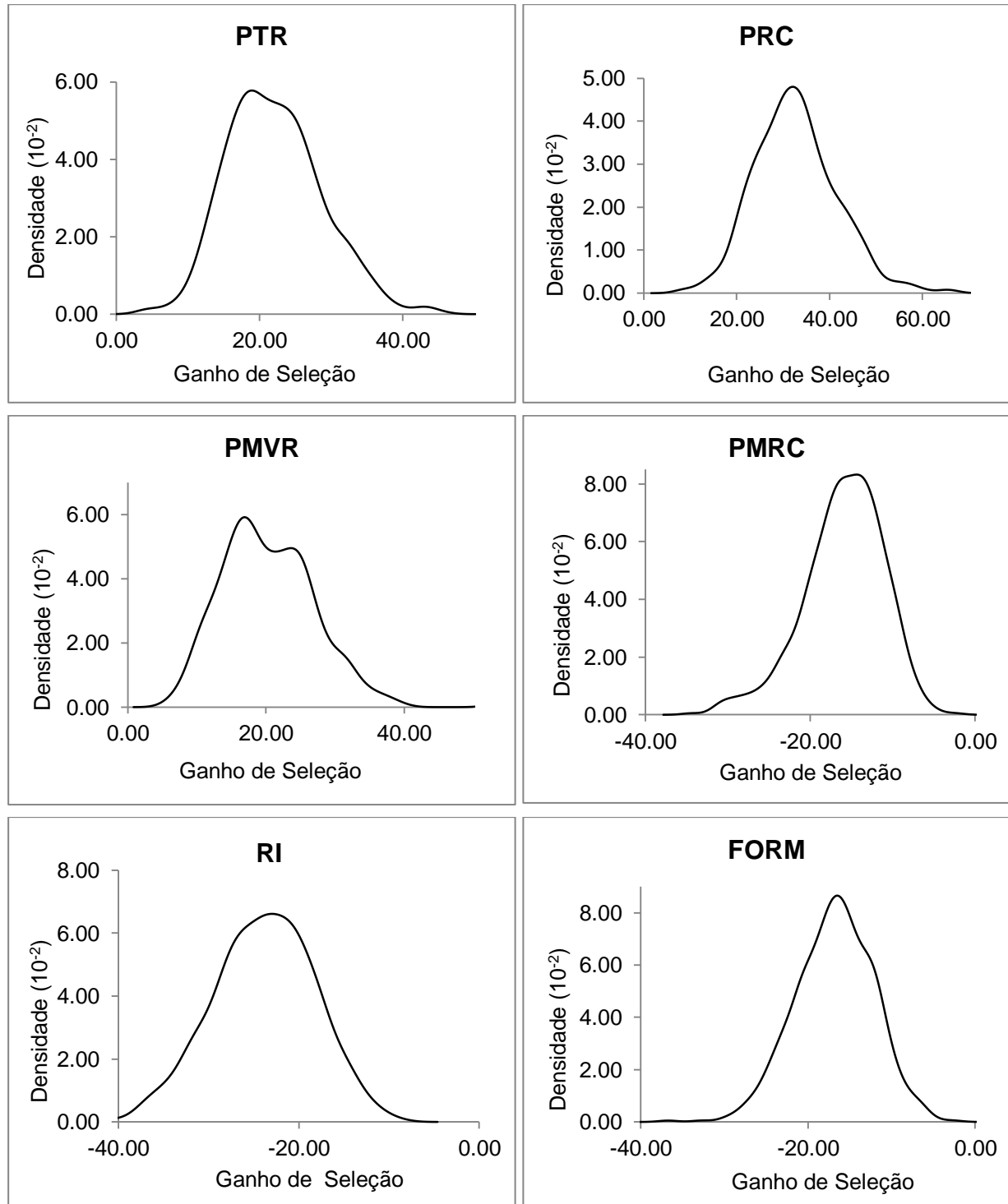
Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Foram observados valores de ganhos diretos altos para todas as variáveis (Tabela 3). Na seleção para a PTR são observados ganhos indiretos favoráveis para todas as variáveis, exceto para PMRC e RI. Já na PRC foram observados efeitos indiretos desfavoráveis para PMRC e RI. Ao se considerar a seleção para PMVR os efeitos indiretos são favoráveis para todas as variáveis. Quando a seleção é para PMRC, FORM e RI são observados efeitos indiretos desfavoráveis para a PRC (Tabela 3). Na seleção simultânea (MM) foi observado ganho em sentido favorável para todas as variáveis (Tabela 3).

Houve sobreposição do intervalo de credibilidade para as variáveis PTR e PMVR para os valores genéticos (Figura 4). O genótipo UFVJM40 apresentou maior PRC, diferindo estatisticamente do genótipo BELGARD, com menor valor de PRC, de acordo com o intervalo de credibilidade. O genótipo

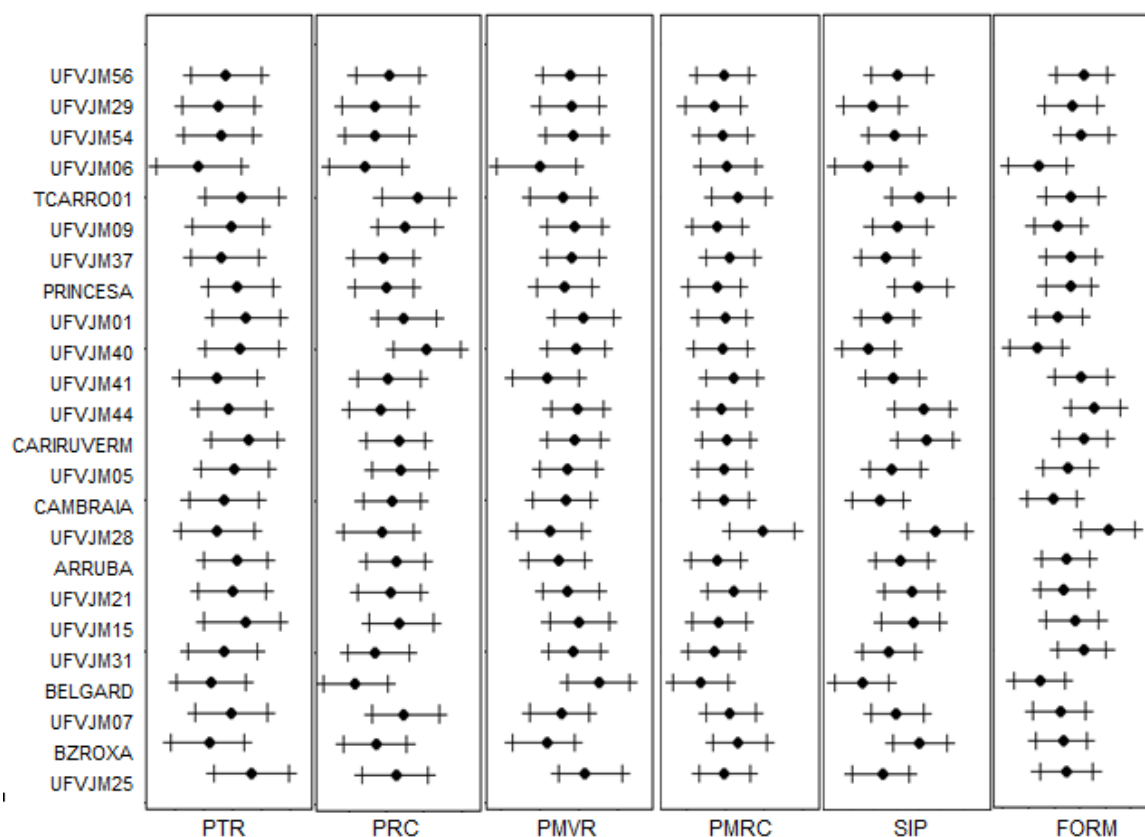
UFVJM28 apresentou maior PMRC, diferindo estatisticamente do genótipo BELGARD, com menor PMRC (Figura 4).

Figura 3: Distribuição *a posteriori* para o ganho estimado de seleção (%) na produtividade total de raízes (PTR) produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramos (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos (RI) e formato de raízes (FORM) avaliados em genótipos de batata-doce.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Figura 4: Distribuição da moda dos valores genéticos entre os intervalos de credibilidade obtidos pela distribuição *a posteriori* (95%) para a produtividade total de raízes (PTR), produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramas (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM), para 24 clones de batata-doce.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Menor RI foi observado para os genótipos BELGARD, CAMBRAIA, UfvJM40, UfvJM06, UfvJM29 diferindo pelo intervalo de credibilidade do genótipo UfvJM28. Para o FORM, os genótipos UfvJM06, UfvJM09, UfvJM40, CAMBRAIA e BELGARD apresentam menores valores, diferindo de UfvJM28 (Figura 4).

5.1.4. Discussão

Dentre as vantagens dos métodos bayesianos uma das mais importantes é a capacidade de acessar a distribuição *a posteriori* dos parâmetros (TORRES *et al.*, 2018). A inferência bayesiana pode ser utilizada no melhoramento de plantas, pois permite obter as densidades das distribuições *a posterioris* e os intervalos de credibilidade, importantes para o conhecimento da natureza genética das variáveis (SILVA *et al.*, 2013). Dentre elas, podemos citar os valores genéticos, componentes de variância, e parâmetros genéticos, como herdabilidade, coeficiente de variação genotípica, coeficiente de variação residual e coeficiente de variação relativo (WALDMANN; ERICSSON, 2006).

Os resultados do presente estudo demonstraram que a proximidade observada entre as distribuições *a priori* e *a posteriori* para a variância genética da maioria das variáveis indicou que este

parâmetro do estudo atual foi similar aos experimentos usados para compor *a priori*. Ou seja, a variabilidade genética foi mantida em relação aos experimentos anteriores.

Para as características avaliadas as distribuições *a priori* e *a posteriori* da variância residual se apresentaram menos próximas, sendo a *posteriori* de maior magnitude, o que pode ser devido às condições de plantio dos experimentos usados para compor *a priori* e do estudo em questão, considerando que as características PMRC, PTR, PRC, FORM e RI são influenciadas pelo tipo de solo. Em solos arenosos, como é o caso dos experimentos anteriores, há maior crescimento lateral das raízes e menor formação de batatas tortas ou dobradas. O solo arenoso facilita também a colheita, onde as batatas são arrancadas com menor dano físico, e em sua totalidade (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008). O experimento atual foi instalado em solo cambissolo háplico com textura argilosa, dificultando a colheita das raízes. Em relação a RI pode-se afirmar que os solos argilosos são mais propícios ao desenvolvimento da broca da batata-doce (*Euscepes postfasci*), uma das principais pragas da cultura (KURIWADA *et al.*, 2012). A broca da batata-doce pode causar grandes perdas de produtividade, e utiliza as fendas formadas no solo quando as raízes tuberosas começam a se formar para alcançá-las, e realizar a postura nas mesmas. O que não acontece nos solos arenosos, onde não há formação de fendas com o desenvolvimento da raiz tuberosa, dificultando o acesso das fêmeas às raízes (MENEZES, 2002).

Os intervalos de credibilidade obtidos para os componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos tornam a abordagem bayesiana mais informativa (MATHEW; LÉON; SILLANPÄÄ, 2015), pois não requer a derivação de estimadores complexos e várias pressuposições, tal como se faz na abordagem frequentista para a estimativa de intervalos de confiança. Os valores do teste de Geweke demonstraram a confiabilidade dos resultados apresentados para todos os parâmetros avaliados, comprovando a convergência do processo iterativo.

As estimativas encontradas para a herdabilidade evidenciaram um satisfatório controle genético na expressão de caracteres e indicaram grande potencial para seleção. Estudos anteriores apresentaram valores de herdabilidade próximos aos encontrados nesse trabalho, e com amplitude de variação de 1% a 60% para a seleção de clones de batata-doce (BORGES *et al.*, 2010).

As altas estimativas dos coeficientes de variação residual (acima de 20%) para a maioria das variáveis podem ser justificadas pelas dificuldades encontradas na colheita da cultura, principalmente em solos argilosos, como é o caso do experimento em questão, implicando na colheita incompleta das raízes (AZEVEDO *et al.*, 2015). Nas culturas cujo caráter em estudo são estruturas subterrâneas há dificuldade no controle ambiental, gerando coeficientes de variação acima de 30% (CAVALCANTE *et al.*, 2006). A suscetibilidade das variáveis relacionadas à produção de raízes aos efeitos do ambiente tem sido observada com frequência em diversos trabalhos com a batata-doce (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2009, MOREIRA *et al.*, 2011).

As estimativas dos coeficientes de variação genética e do coeficiente de variação relativo foram promissoras para todas as características avaliadas, em especial para FORM e RI. Estes parâmetros medem o grau de determinação genético de um caráter, podendo-se inferir que os clones em questão apresentam alta variabilidade genética (AZEVEDO *et al.*, 2015).

O coeficiente de variação relativo e a herdabilidade representam a confiabilidade com a qual o valor fenotípico representa o valor genotípico, aumentando o poder discriminatório dos mesmos e o

ganho esperado com seleção (IVOGLO *et al.*, 2008). O FORM apresentou a média, mediana e moda do coeficiente de variação relativo maior que 1 e a variável RI não diferiu de 1 pelo limite superior do intervalo de credibilidade, indicando condições experimentais favoráveis para a seleção destas variáveis. Os resultados confirmam a eficiência do uso da abordagem bayesiana na identificação dos parâmetros e de sua confiabilidade, o que poderá auxiliar na tomada de decisão no programa de melhoramento. Para PTR, PRC, PMRC e PMVR os coeficientes de variação relativos foram inferiores a 1 evidenciando que a variação ambiental superou a variação genética (ALVES *et al.*, 2006).

As características PRC e RI são fundamentais para a comercialização, ganhos de seleções superiores a 20% foram estimados para estas características, e também para o PMVR. Azevedo *et al.* (2015) encontraram valores de 68% para PRC, porém estes autores consideraram o índice de seleção de 20% enquanto no presente trabalho o índice de seleção foi de 30%. Menores índices de seleção proporcionam maior ganho, porém restringe bastante a variabilidade genética, o que não é indicado no início de programas de melhoramento genético. Além disso, as condições de clima e solo tanto quanto os genótipos foram diferentes, já que o estudo foi instalado em solo tipo cambissolo háplico e a pesquisa citada anteriormente em solo tipo Neossolo Quartzarênico, o que afeta as variáveis relacionadas a produtividade de raízes. Para RI esses autores encontram ganho de seleção de -4,90%. Esta estimativa é bem inferior (em módulo) ao valor encontrado nesta pesquisa (24%).

A seleção simultânea maximizou as chances de sucesso no melhoramento, proporcionando ganhos equilibrados a todas as características (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Já com a seleção indireta foram observados ganhos favoráveis para todas as variáveis com a seleção para a PMVR, informação importante quando o objetivo do programa de melhoramento estiver relacionado a utilização das ramas para alimentação animal.

O genótipo UFVJM40 com maior PRC, menor RI e FORM se destacou dos demais. Os genótipos UFVJM06 e CAMBRAIA também se destacaram com menor RI e FORM e UFVJM09 apresentou menor FORM. O genótipo BELGARD também se destaca por apresentar menores valores para FORM, RI e PMRC, porém isso resultou em uma menor PRC, o que não é desejável. Por fim, os piores resultados foram observados no genótipo UFVJM28, com maiores valores de RI, FORM e PMRC.

5.1.5. Conclusão

É possível aproveitar o conhecimento *a priori* obtido em experimentos anteriores por meio da inferência bayesiana, constituindo-se em uma ferramenta eficiente em programas de melhoramento genético da batata-doce, auxiliando nas tomadas de decisão.

A variáveis PRC, RI e FORM apresentaram maiores estimativas de herdabilidade. São esperados ganhos expressivos com a seleção dos genótipos avaliados.

A seleção simultânea é uma estratégia importante na batata-doce, proporcionando ganho de seleção em sentido favorável para todas as características.

Os clones UFVJM40, UFVJM06, UFVJM09 e CAMBRAIA se destacaram dos demais e podem ser utilizados como genitores em futuros programas de melhoramento.

5.1.6. Agradecimentos

Agradecemos a CAPES (Conselho de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - código 001), à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) e ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pelo apoio a este estudo.

5.1.7. Referências

- ALVES, J. C. S.; PEIXOTO, J. R. P.; VIEIRA, J. V.; BOITEUX, L. S. Herdabilidade e correlações genóticas entre caracteres de folhagem e sistema radicular em famílias de cenoura, cultivar Brasília. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 3, p. 363-367, 2006.
- ANDRADE JUNIOR, V. C.; ELSAYED, A. Y. A.; AZEVEDO, A. M.; SANTOS, E. A.; FERREIRA, M. A. M. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos batata-doce. **Scientia agraria**, v. 19, n. 1, p. 28-35, 2018.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; FERNANDES, J. S. C.; FIGUEIREDO, J. A.; NUNES, U. R.; NEIVA, I. P. Selection of sweet potato clones for the region Alto Vale do Jequitinhonha. **Horticultura Brasileira**, v. 27, n. 3, p. 389-393, 2009.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; PINTO, N. A. V.D.; RIBEIRO, K. G.; PEREIRA, R. C.; NEIVA, I. P.; AZEVEDO, A. M.; ANDRADE, P. C. R. Características produtivas e qualitativas de ramas e raízes de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 4, p. 584-589, 2012.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Parâmetros genéticos e ganho com seleção em batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 01, 2015.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; SANTOS, A. A.; SOUSA JÚNIOR, A. S.; OLIVEIRA, A. J. M.; FERREIRA, M. A. M. Population parameters and selection of kale genotypes using Bayesian inference in a multi-trait linear model. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 1, p. 25-31, 2017.
- AZEVEDO, S. M.; MALUF, W. R.; SILVEIRA, M. A.; FREITAS, J. A. Reação de clones de batata-doce aos insetos de solo. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 3, p. 545-549, 2002.
- BORGES, V FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M SANTOS, A. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- CAVALCANTE, J. T.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; BORGES, V.; SILVA, P. P.; SILVA, J. W. Análise de trilha em caracteres de rendimento de clones de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 28, n. 2, p. 261-266, 2006.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.
- EUZEBIO, M. P.; FONSECA, I. C. B.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; NASCIMENTO, M.; GIORDANI, W.; GONÇALVES, L. S. A. Adaptability and stability assessment of bean cultivars of the carioca commercial group by a Bayesian approach. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, 2018.
- FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2008. 402p.
- IVOGLO, M.G.; FAZUOLI, L.C.; OLIVEIRA A.C.B.; GALLO, P.B.; MISTRO, J.C., SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v. 67, n.4, p. 823-831, 2008.
- KLAUENBERG, K.; WÜBBELER, G.; MICKAN, B.; HARRIS, P.; ELSTER, C. A tutorial on Bayesian Normal linear regression. **Metrologia**, v. 52, n. 6, p. 878-892, 2015.

- KURIWADA, T.; Kumano, N.; Shiromoto, K.; Haraguchi, D.; Kohama, T. Suppressing effect of gamma-irradiated weevils on progeny production in the West Indian sweetpotato weevil *Euscepes postfasciatus* (Coleoptera: Curculionidae). **Applied entomology and zoology**, v. 47, n. 4, p. 437-442, 2012.
- MARTINS, E. C. A.; PELUZIO, J. M.; COIMBRA, R. R.; OLIVEIRA JUNIOR, W. P. Variabilidade fenotípica e divergência genética em clones de batata doce no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 691-697, 2012.
- MATHEW, B.; LÉON, J.; SILLANPÄÄ, M. J. Integrated nested Laplace approximation inference and cross-validation to tune variance components in estimation of breeding value. **Molecular breeding**, v. 35, n. 3, p. 35-99, 2015.
- MENEZES, E. L. A. A broca da batata-doce (*Euscepes postfasciatus*): descrição, bionomia e controle. Brasília: **Embrapa Agrobiologia**, n.6, 2002.
- MOREIRA, J. N.; QUEIROGA, R. C. F.; SOUSA JÚNIOR, A. J. L.; SANTOS, M. A. Caracteres morfofisiológicos e produtivos de cultivares de batata-doce, em mossoró, rn. **Revista Verde**, v. 6, p. 161-167, 2011.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetic and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.
- OLIVEIRA, A. P.; MALHADO, C. H. M.; BARBOSA, L. T.; FILHO, R. M.; CARNEIRO, P. L. S. Inferência bayesiana na avaliação genética de bovinos da raça tabapuã do nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 4, p. 227 -234, 2015.
- PLUMMER, M. rjags: Bayesian Graphical Models using MCMC. **R package version 4-10**. <https://CRAN.R-project.org/package=rjags>, 2019.
- RESENDE, M. D. V.; DUDA, L. L.; GUIMARÃES, P. R. B.; FERNANDES, J. S. C. Análise de modelos lineares mistos via inferência Bayesiana. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 19, p. 41-70, 2001.
- SILVA, F. F.; VIANA, J.M.S.; FARIA, V. R.; RESENDE, M. D. V. Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. **Theoretical and applied genetics**, v. 126, n. 7, p. 1749-1761, 2013.
- SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MAGALHÃES, J.S. **Batata-doce: Ipomoea batatas**. Brasília: Embrapa-CNPQ, n. 6, 2008.
- SILVA, L. C.; BENAVIDES, A. El enfoque bayesiano: otra manera de inferir. **Gaceta Sanitaria**, v. 15, n. 4, p. 341-346, 2001.
- SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**, v. 21, n. 11, p. 1-37, (2007).
- TEODORO, P. E.; NASCIMENTO, M.; TORRES, F. E.; BARROSO, L. M. A.; SAGRILO, E. Perspectiva bayesiana na seleção de genótipos de feijão-caupi em ensaios de valor de cultivo e uso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 878-885, 2015.
- TORRES, L. G.; RODRIGUES, M. C.; LIMA, N. L.; TRINDADE, T. F. H.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F.; LIMA, R. O. Multi-trait multi-environment Bayesian model reveals G x E interaction for nitrogen use efficiency components in tropical maize. **Plos One**, v. 13, n. 6, 2018.
- WALDMANN, P.; ERICSSON, T. Comparison of REML and Gibbs sampling estimates of multi-trait genetic parameters in Scots pine. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, n. 8, p. 1441-1451, 2006.

5.2. Artigo 2: Abordagem bayesiana na avaliação da dissimilaridade em clones de batata-doce.

Este artigo foi elaborado conforme normas do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal.

RESUMO

A disponibilidade de variabilidade genética em bancos de germoplasma é fundamental para o sucesso de programas de melhoramento vegetal. No entanto, as ferramentas utilizadas para a análise dos dados podem não alcançar as melhores respostas. A abordagem bayesiana aliada a técnicas multivariadas permitem identificar essas fontes de variabilidade, auxiliando nas tomadas de decisão no melhoramento de plantas. Logo, objetivou-se avaliar a dissimilaridade genética entre 24 clones de batata-doce por meio de dados qualitativos e quantitativos. Na caracterização morfológica, utilizaram-se 24 descritores morfológicos e dados de produtividade de raízes e ramos. Para análise estatística foi utilizada a análise multivariada através da abordagem bayesiana. Houve variabilidade genética entre os genótipos de batata doce. Há grande dissimilaridade dos clones UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 com os demais. Esses acessos divergentes podem ser utilizados em cruzamentos em programas de melhoramento a fim de obter progênies com alta variabilidade genética.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Análise multivariada. Banco de germoplasma. Variabilidade genética.

5.2.1. Introdução

A caracterização da variabilidade genética é ponto de partida para os programas de melhoramento genético (LAURIE *et al.*, 2013). A caracterização e avaliação são ferramentas indispensáveis para os trabalhos com batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) (CAVALCANTE *et al.*, 2010), devido principalmente ao grande número de classes fenotípicas (ANDRADE *et al.*, 2017) decorrente de seu mecanismo de autoincompatibilidade que conduz à polinização cruzada (OLIVEIRA *et al.*, 2002).

Estudos de dissimilaridade podem ser feitos a partir da análise multivariada com base em descritores morfológicos quantitativos e/ou qualitativos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A análise multivariada é o conjunto de técnicas estatísticas que avalia simultaneamente variáveis sobre um indivíduo (HAIR JUNIOR *et al.*, 2009). As técnicas multivariadas permitem identificar fontes de variabilidade genética, avaliar a importância das características para a divergência genética e ainda, auxiliar nas tomadas de decisão do melhorista (ABREU *et al.*, 2004). Ao analisar simultaneamente as variáveis é possível caracterizar cada agrupamento e selecionar genitores com base no fenótipo (STRECK *et al.*, 2017). Isto possibilita a obtenção de alta variabilidade genética na população segregante (ANDRADE *et al.*, 2017).

Aprimorar as técnicas de análise dos dados obtidos nos programas de melhoramento da batata-doce é de importância análoga ao potencial da cultura. E pouco precisa ser dito para demonstrar a importância da batata-doce. Pois é fonte de segurança alimentar e combate a desnutrição, é uma cultura de ciclo curto, que fornece alimento em solos pobres e degradados, com pouca entrada de insumos externos (LAURIE *et al.*, 2013).

Existem várias metodologias de análise multivariada à disposição, as quais possibilitam diferentes resultados, em função dos princípios que envolvem. Dessa maneira, a combinação de muitas metodologias para investigar a variabilidade de recursos genéticos vegetais é essencial, dada a complementariedade de suas informações.

Nesse sentido, o uso de múltiplas abordagens estatísticas, algumas não muito usuais, geram informações de alto valor aplicável, especialmente na exploração da diversidade de bancos de germoplasma. Desta forma, a investigação da estruturação genética pela abordagem bayesiana (FERREIRA *et al.*, 2020), as análises de coordenadas principais e dendogramas hierárquicos pelo algoritmo UPGMA (método de médias não ponderadas de grupos pareados) são técnicas utilizadas em biometria com o objetivo de compreender a diversidade genética (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Logo, objetivou-se nessa pesquisa avaliar a dissimilaridade genética de 24 clones de batata-doce do banco de germoplasma da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) a partir de uma abordagem multivariada, por meio da inferência bayesiana, combinando dados qualitativos e quantitativos.

5.2.2. Material e métodos

O experimento foi conduzido no Instituto de Ciências Agrárias (ICA) - Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Campus Montes Claros-MG (Coordenadas: 16°40'58.16" S e 43°50'20.15" O15" O). Foram avaliados 24 clones de batata-doce cedidos pela Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). Estes acessos foram selecionados em experimentos anteriores e são denominados: UFVJM25, Brazlândia Roxa - BZROXA, UFVJM07, BELGARD, UFVJM28, CAMBRAIA,

ARRUBA, UFVJM05, UFVJM44, UFVJM40, UFVJM01, UFVJM15, Cariru Vermelha - CARIRUVERM, UFVJM09, UFVJM31, Tomba carro 1 - TCARRO01, PRINCESA, UFVJM37, UFVJM41, UFVJM06, UFVJM56, UFVJM29, UFVJM54, UFVJM21.

Ramas dos clones de batata-doce com aproximadamente 20 cm de comprimento foram mantidas em vasos de polietileno com substrato comercial por 15 dias, para o enraizamento, em seguidas as ramas enraizadas foram levadas para o campo. O espaçamento utilizado foi um metro entre leiras e 0,30 metros entre plantas (AZEVEDO *et al.*, 2015).

O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela composta por 10 plantas. Foi utilizada irrigação por aspersão, sendo aplicada, até o estabelecimento da cultura, todos os dias para manter a superfície do solo com bom teor de umidade e promover um bom pegamento das mudas. Após esse período a irrigação foi aplicada duas vezes na semana.

O plantio das mudas de batata-doce foi realizado em solo cambissolo háplico, seguida pela incorporação de fertilizantes. Foram utilizados 180 kg ha⁻¹ de fosforo e 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio no plantio. Aos 30 dias do plantio das mudas foi feita uma adubação de cobertura com 30 kg ha⁻¹. A adubação foi realizada de acordo com a análise do solo e as recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2008), a adubação de potássio não foi necessária de acordo com a análise química do solo.

Aos 90 dias após o plantio (DAP), foram avaliadas as características morfológicas das brotações das plantas. Já as raízes foram avaliadas aos 165 DAP. As avaliações foram realizadas de acordo com os descritores e escalas de pontuação recomendados pelo Conselho Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (IBPGR), elaborados por Huamán (1991) (Tabela 1).

Para os dados quantitativos as ramas e raízes foram avaliadas no momento da colheita, aos 165 DAP. As ramas foram cortadas rente ao solo, com o auxílio de tesouras de poda e as raízes colhidas manualmente com o auxílio de enxadas. Imediatamente após a colheita as ramas e raízes foram pesadas e separadas para a obtenção das variáveis: produtividade de massa verde de ramas (t ha⁻¹); produtividade total de raízes (t ha⁻¹) e produtividade de raízes comerciais (t ha⁻¹).

Com o objetivo de executar uma abordagem multivariada, combinando dados qualitativos e quantitativos, os dados quantitativos foram convertidos sobre variáveis fenotípicas em classes, com um limite de 1,0 desvio padrão. As variáveis qualitativas foram codificadas com base na escala original. A partir destas variáveis foi estimada a matriz de distância euclidiana entre os genótipos.

Foi usado o aplicativo Structure v.2.3.4 (EVANNO *et al.*, 2005) para rastrear e inferir a variação fenotipicamente estruturada. O programa foi executado com um comprimento de gravação de 10.000, 100.000 repetições MCMC após *burn-in* de 20 corridas independentes. O aplicativo Structure Harvester (EARL; VON HOLDT, 2012) foi usado para determinar a melhor estrutura fenotípica. Para a análise de coordenadas principais (PCoA) e o índice informacional de diversidade estatística de Shannon foi utilizado o aplicativo GenAlex v.6.503 (PEAKALL; SMOUSE, 2012). A análise gráfica de UPGMA foi baseada nos dados morfoagronômicos, combinando os dados quantitativos (médias originais fenotípicas) e a escala dos dados qualitativo pelo software R.

Tabela 1. Escala de notas relacionadas à morfologia de 24 descritores, definidos por Huamán (1991), para acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam).

Descritores	Notas
1	1-verde; 3-verde com algumas manchas roxas; 4- verde com muitas manchas roxas; 5-verde com muitas manchas roxo escuro; 6- principalmente roxo; 7-principalmente roxo escuro; 8- totalmente roxo; 9- totalmente roxo escuro
2	0-ausente; 1- base verde; 2- ponta verde; 3-nós verdes; 4- base roxa; 5- ponta roxa; 6- nós roxos; 7- outros
3	0-ausente; 3; escasso; 5; moderado; 7-denso
4	3- ereto (< 75 cm); 5-semiereto (75-150 cm); 7- semiprostado (151-250 cm); 9-prostado (>250 cm)
5	0-ausencia de lóbulos; 1-lóbulos muito superficiais; 3-lóbulos superficiais; 5-moderados; 7-profundos; 9-muito profundos
6	0-ausência de lóbulos (folha redonda e lisa); 1- ausência de lóbulos laterais; 3- três lóbulos; 5-cinco lóbulos; 7- sete lóbulos; 9-lóbulos
7	0-ausente; 1-dentado; 2- triangular; 3-semicircular; 4-semielíptico; 5- elíptico; 6-lanceolado; 7-oblongo; 8-linear (largo); 9-linear (estrito)
8	1- amarelo; 2- verde; 3- manchas roxas na base da nervura principal; 4- manchas roxas em varias nervuras; 5- nervura principal predominantemente roxa; 6- nervura principal completamente roxa; 7- nervuras parcialmente roxas; 8- nervuras totalmente roxas; 9- nervuras e face abaxial completamente roxas.
9	1-Muito curto (<10 cm); 3-curto (10-20 cm); 5-intermediário (21-30 cm); 7-longo (31-40 cm); 9-muito longo (> 40 cm).
10	1-verde; 2-verde com base roxa; 3-verde com inserção de folha roxa; 4-verde com manchas roxas nas duas extremidades; 5- verde com manchas roxas ao longo do pecíolo; 6-verde com listras roxas; 7-roxo com inserção da folha verde; 8-alguns pecíolos verdes, outros roxos; 9-completamente ou principalmente roxo
11	1- amarelo esverdeado; 2- verde; 3- verde com bordas roxas; 4- verde acinzentado; 5- verde com nervuras roxas; 6- roxo suave; 7- predominantemente roxo; 8- face adaxial verde e abaxial roxa; 9- roxo em ambas as faces
12	1- amarelo esverdeado; 2- verde; 3- verde com bordas roxas; 4- verde acinzentado; 5- verde com nervuras roxas; 6- roxo suave; 7- predominantemente roxo; 8- face adaxial verde e abaxial roxa; 9- roxo em ambas as faces
13	3-Pequena (<8 cm); 5 média (8-15 cm); 7 grande (16-25 cm); 9-muito grande (> 25 cm)
14	1- arredondada; 2- reniforme; 3- cordada; 4- triangular; 5- lanceolada; 6- lobada; 7- lóbulos praticamente divididos
15	1-muito fino (<4 mm); 3 fino (4-6 mm); 5-intermediário (7-9 mm); 7- grosso (10-12 mm); 9- muito grosso (> 12 mm)
16	1-muito curto (<3 cm); 3 curto (3-5 cm); 5-intermediário (6-9 cm); 7-longo (10-12 cm); 9- muito longo (> 12 cm)
17	0-ausente; 1- casca áspera; 2- veias proeminentes; 3- constrictões horizontais rasas; 4- constrictões horizontais profundas; 5- fendas longitudinais rasas; 6- fendas longitudinais profundas; 7- constrictões e fendas profundas; 8- outro.
18	1-redondo; 2- elíptico arredondado; 3- Elíptico; 4 oval; 5-oval invertido; 6-oblongo; 7- longo e oblongo; 8-longo e elíptico; 9- irregular e longo
19	1- branco; 2- creme; 3- amarelo; 4- laranja; 5- marrom alaranjado 6- rosado; 7- avermelhado; 8- roxo avermelhado; 9- roxo escuro.
20	1- clara; 2- intermediária; 3- escura

Continua...

Descritores	Notas
21	0-ausente; 1-branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-laranja; 5- Marrom alaranjado; 6-rosado; 7-vermelho; 8- Roxo avermelhado; 9-roxo escuro
22	1- branco; 2- creme; 3- creme escuro; 4- amarelo claro; 5- amarelo escuro; 6- laranja claro; 7- marrom alaranjado; 8- laranja escuro; 9- roxo escuro
23	0 - ausente; 1- branco; 2- creme; 3- amarelo; 4- marrom alaranjado; 5- rosado; 6- avermelhado; 7- roxo avermelhado; 8- roxo; 9- roxo escuro
24	0-ausente; 1- anel próximo ao córtex; 2- anel grande do córtex; 3- manchas espalhadas; 4- anel fino na polpa; 5- anel grande na polpa; 6- anel e outras manchas na polpa; 7- manchas em cortes longitudinais; 8 - manchas cobrindo maior parte da polpa; 9- manchas cobrindo a polpa

Nota: 1= cor predominante da folhagem; 2= cor secundária da folhagem; 3= pubescência; 4= hábito de crescimento; 5= tipos de lóbulos foliares; 6= número de lóbulos; 7= formato do lóbulo central; 8= pigmentação das nervuras; 9= comprimento pecíolo; 10= Pigmentação pecíolo; 11= cor da folha madura; 12= cor folha imatura; 13= tamanho da folha madura; 14= formato geral da folha; 15= diâmetro entrenó; 16= Comprimento do entrenó; 17= Defeito de raízes tuberosas; 18= formato raiz; 19= Cor predominante da casca; 20= Intensidade da cor da casca; 21= Cor secundária da casca; 22= cor predominante da polpa; 23= cor secundária da polpa; 24= distribuição da cor da polpa secundária.

Fonte: Huamán, 1991.

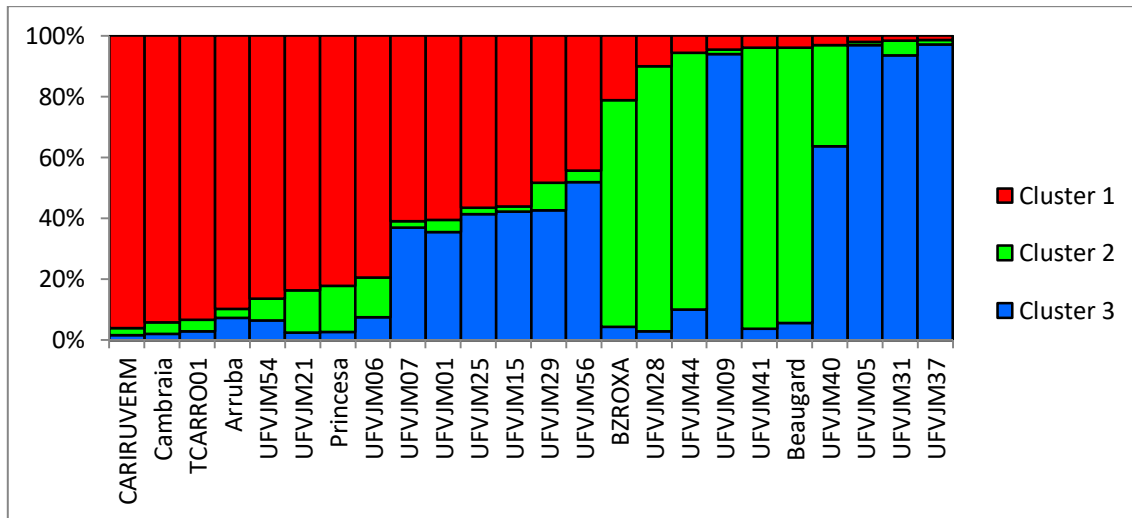
5.2.3. Resultados

As notas dos 24 descritores qualitativos avaliados (Tabela 1 e apêndice A) indicaram a existência de variabilidade entre os 24 clones avaliados. Os descritores que apresentaram pouca ou nenhuma variabilidade morfológica foram pilosidade (100% ausente), cor da folha madura (95,8% verde), tamanho da folha madura (87,5% 8 - 15 cm), intensidade da cor da casca (79,2% clara), cor secundária da casca (95,8% ausente) e distribuição da cor secundária da polpa (83,3% ausente) (Apêndice A).

A estrutura fenotípica separou os 24 clones de batata-doce em três grupos (Figura 1). CARIRUVERM, CAMBRAIA, TCARRO01, ARRUBA, UFVJM54, UFVJM21, PRINCESA, UFVJM06, UFVJM07, UFVJM01, UFVJM25, UFVJM15 e UFVJM29 pertencem ao mesmo cluster, com o maior número de clones. BZROXA, UFVJM28, UFVJM44, UFVJM41 e BELGARD formaram o segundo cluster. Enquanto UFVJM56, UFVJM09, UFVJM40, UFVJM05, UFVJM31 e UFVJM37 constituíram o terceiro cluster (Figura 1).

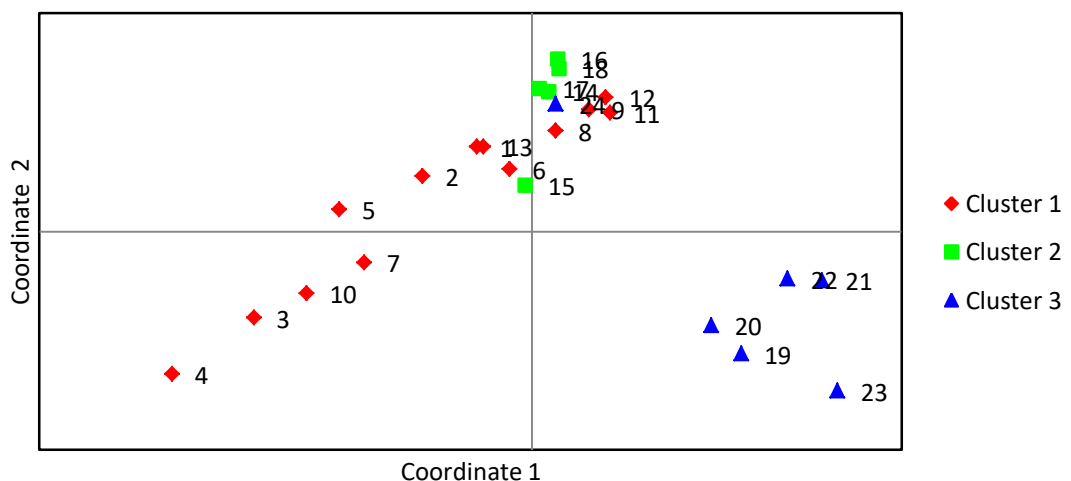
A análise de coordenadas principais (PCoA) (Figura 2) classificou os 24 clones de forma semelhante a estrutura fenotípica (Figura 1). É possível observar que os clones UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 estavam relativamente mais próximos, mantendo distância dos demais. Porém, o clone UFVJM56, que na análise de estrutura fenotípica compôs o cluster 3, ficou distante desses clones e agrupado a clones do cluster 1 e 2 na classificação. É possível observar também que o clone BZROXA se agrupou próximo dos acessos do cluster 1.

Figura 1: Análise da estrutura genética dos 24 acessos batata-doce produzida pela análise de agrupamento por abordagem bayesiana.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Figura 2. Resultado da análise de coordenadas principais (PCoA) para 24 acessos de batata-doce (1-Arruba, 2-Cambraia, 3-CARIRUVERM, 4-Princesa, 5-TCARRO01, 6-UFVJM01, 7-FVJM06, 8-UFVJM07, 9-UFVJM15, 10-UFVJM21, 11-UFVJM25, 12-UFVJM29, 13-UFVJM54, 14-Beaugard, 15-BZROXA, 16-UFVJM28, 17-UFVJM41, 18-UFVJM44, 19-UFVJM05, 20-UFVJM09, 21-UFVJM31, 22-UFVJM37, 23-UFVJM40, 24-UFVJM56) obtidos por 24 descritores morfoagronômicos.

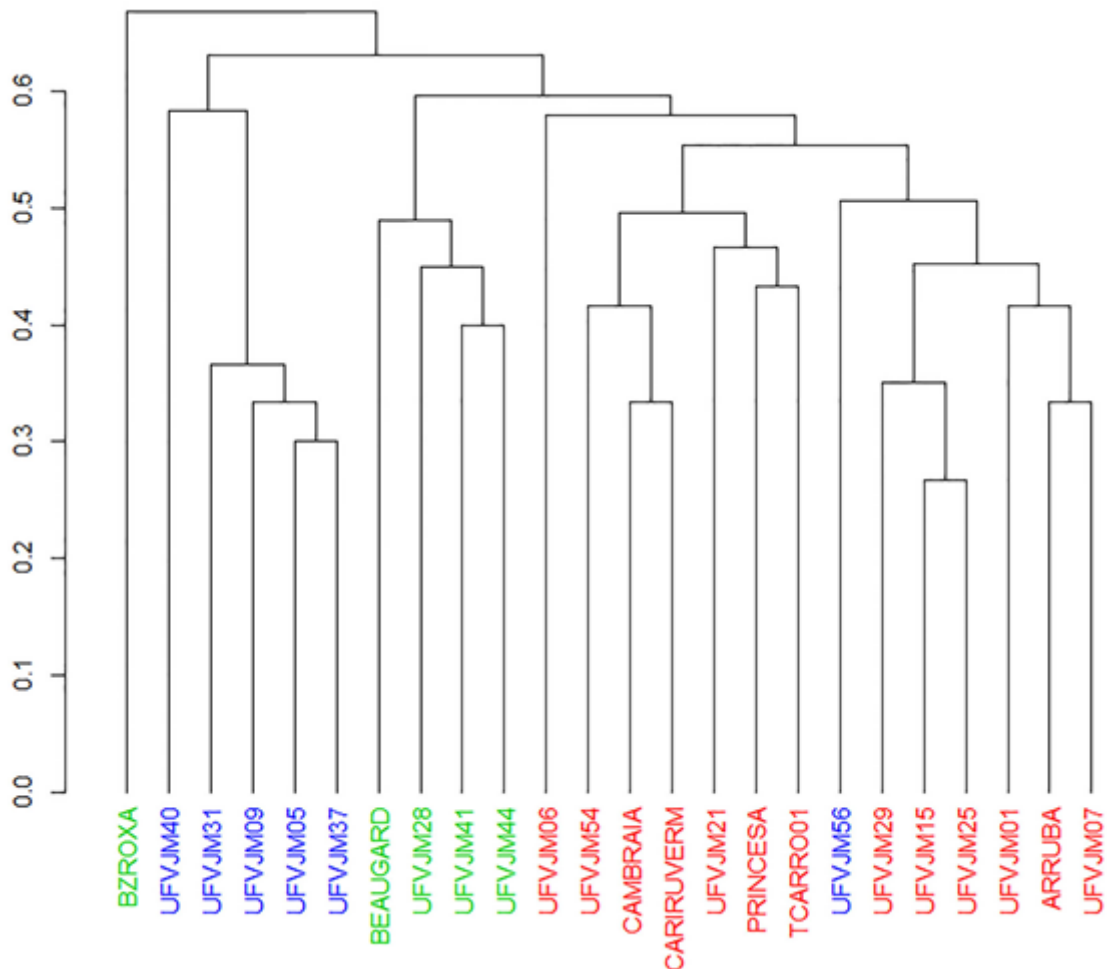


Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

A árvore fenotípica dos 24 acessos baseados no UPGMA (Figura 3) confirmou o padrão de agrupamento relatado no PCoA. O dendrograma mostrou que o cluster 3 é formado por clones com maior dissimilaridade com os demais. E que BZROXA é diferente dos demais clones do cluster 2. E que

o clone UFVJM56, embora classificado como cluster 3 (Figura 1) foi agrupado com o cluster 1 pelo dendrograma. A correlação cofenética obtida foi de 0,75.

Figura 3. Dendrograma pelo método de agrupamento das divergências médias (UPGMA) para 24 acessos de batata-doce.



Cor vermelha: Cluster 1; cor verde: cluster 2; cor azul: cluster 3

Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

A anova para a estatística de Shannon mostrou que aproximadamente 83% da variação total estava dentro dos clusters e o restante, aproximadamente 16%, entre os clusters (Tabela 2).

Tabela 2. Resumo da estatística de Shannon para estimativa da porcentagem de variância entre e dentro dos clusters obtidos por metodologias bayesianas.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Variância estimada	Porcentagem da variância
Entre Pops	2	8,54	0,18	16,51
Dentro Pops	21	43,17	0,90	83,49
Total	23	51,70	1,08	100,00

Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

5.2.4. Discussão

A análise bayesiana para a estrutura fenotípica classificou os 24 clones em três grupos principais e os 24 descritores morfológicos indicaram a existência de variabilidade. A partir dos descritores morfológicos foi possível afirmar que o cluster 1, composto por maior quantidade de clones, foi caracterizado, na sua maioria, por plantas com folhas com cinco lóbulos, intensidade da cor da casca clara, cor predominante da polpa branca, com secundária da polpa ausente, ou seja, plantas com folhas lobuladas, caracterizadas por raízes com casca clara e polpa branca (Apêndice A).

A disponibilidade de populações que apresentam alta variabilidade genética, para as características sob seleção, é fundamental para o sucesso de um programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Logo, o estudo da variabilidade genética dos genótipos de interesse é fundamental em programas de melhoramento da batata-doce. Principalmente para evitar recombinações gênicas semelhantes, quando os objetivos envolvam hibridação e ganhos genéticos em populações segregantes (OLIVEIRA *et al.*, 2002).

O cluster 2 é caracterizado em sua maioria por folhas com nervuras totalmente roxas, com formato triangular ou cordado, com comprimento do entrenó de tamanho intermediário (6 a 9 cm) e cor predominante da casa creme. Já o cluster 3, formado por clones com menor similaridade com os demais, é caracterizado, na sua maioria, por folhas triangulares, pecíolos de cor verde, diâmetro do entrenó fino, cor predominante da polpa roxo escuro e presença de cor secundária da polpa roxa (Apêndice A)

A separação entre os clones do cluster 1 e 3 indicou que esses grupos podem ser usados como progenitores em programas de melhoramento da cultura da batata-doce, pois apresentaram um alto nível de diversidade genética e maiores médias para produtividade total e comercial de raízes e produtividade de massa verde de ramas (Apêndice B) (SANTOS *et al.*, 2016). Alta diversidade genética entre esses acessos de batata-doce também foi observado por Andrade *et al.* (2017).

Da mesma forma, o PCoA e o dendrograma, classificaram as adesões de forma semelhante, indicando a existência de variabilidade entre os clusters (SANTOS *et al.*, 2016). Diferentemente da análise da estrutura fenotípica, foi observado que BZROXA não se adere ao cluster 2. Em termos morfológicos esse clone apresentou folhas lobadas, cor predominante da casca marrom alaranjado e cor da polpa amarelo claro. O clone UFVJM56 também não foi agrupado junto ao cluster 3, possivelmente por apresentar cor predominante da casca marrom alaranjado e maiores defeitos nas raízes em relação aos demais acessos do cluster 3 (Apêndice A). É comum as técnicas multivariadas não concordarem entre si. Isso se justificativa pelos princípios envolvidos em cada método, quanto à precisão e critério (AZEVEDO *et al.*, 2015).

O coeficiente de correlação cofenética estima a representatividade dos dados da matriz de dissimilaridade no dendrograma, e seu resultado indica se os dados da matriz estão bem ajustados no dendrograma (MANTEL, 1967). Logo, o valor observado para a correção cofenética (0,75) mostra a confiabilidade das conclusões frente à interpretação do dendrograma (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Foi constatado que 83,49% da variação total é particionada dentro dos clusters e 16,51% entre os clusters o que indica algum nível de diferenciação entre os clusters. O alto nível de variação dentro do cluster é frequentemente observado em espécies alógamas (MAGHULY *et al.*, 2015). E a alta

variabilidade genética presente na espécie *Ipomoea batatas*, decorre da sua condição de ploidia ($2n=6x=90$), e de seu sistema reprodutivo favorecido pela alogamia (AZEVEDO *et al.*, 2000).

A abordagem multivariada por meio da inferência bayesiana foi eficiente na avaliação da dissimilaridade, e as informações obtidas podem ser utilizadas para planejar cruzamentos, possibilitando a obtenção de progênies com alta variabilidade genética.

5.2.5. Conclusões

Existe variabilidade genética entre os genótipos de batata-doce do banco de germoplasma da UFMG.

Há grande dissimilaridade dos acessos UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 com os demais.

A inferência bayesiana é uma ferramenta eficiente na avaliação da dissimilaridade em programas de melhoramento.

5.2.6. Agradecimentos

Agradecemos a CAPES (Conselho de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - código 001), à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) e ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pelo apoio a este estudo.

5.2.7. Referências

ABREU, F. B.; LEAL, N. R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 3, p. 547-552, 2004.

ANDRADE, E. K. V.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; LAIA, M. L.; FERNANDES, J. S. C.; OLIVEIRA, A. J. M.; AZEVEDO, A. M. Genetic dissimilarity among sweet potato genotypes using morphological and molecular descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 4, p. 447-455, 2017.

AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Parâmetros genéticos e ganho com seleção em batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 01, 2015.

AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FIGUEIREDO, J. A.; PEDROSA, C. E.; VIANA, D. J. S.; LEMOS, V. T.; NEIVA, I. P. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 10, n. 3, p. 479-484, 2015.

AZEVEDO, S. M.; FREITAS, J. A.; MALUF, W. R.; SILVEIRA, M. A. Desempenho de clones e métodos de plantio de batata-doce. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 22, p. 901-905, 2000.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; PAIXÃO, S. L.; COSTA, J. G.; PEREIRA, R. G.; MADALENA, J. A. Desempenho agrônomo, dissimilaridade genética e seleção de genitores de batata doce para hibridização. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 5, n. 4, p. 485-490, 2010.

CHEN, L. O.; LO, H. S.; CHEN, T. H.; LEE, L. Peroxidase zymograms of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) grown under hydroponic culture. **Botanical Bulletin of Academia Sinica**, v. 33, p. 247-252, 1992.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

EARL, D.A.; VON HOLDT, B.M. Structure harvester: a website and program for visualizing structure output and implementing the evanno method. **Conservation Genetics Resources**, v. 4, n. 2, p. 359-361, 2012.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005.

FERREIRA, J. L.; GWINNER, R.; FERREIRA, L. M.; FERRONATO, J.; LEITE, L. G.; FERREIRA, K. G. G.; SILVA, J. C. R. L.; SANTOS, L. P.; SILVA, A. W. T. Understanding the extent of phenotypic variability in accessions of *Paspalum urvillei* Steud. from the USDA NPGS. **Iheringia. Série Botânica**, v. 75, 2020.

FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2008. 402p.

HAIR JUNIOR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. São Paulo: Bookman, 2009. 679 p.

HUAMÁN, Z. **Descriptors for sweet potato**. Rome: International board for plant Genetic Resources, 1991. 133p.

LAURIE, S. M.; CALITZ, F. J.; ADEBOLA, P. O.; LEZAR, A. Characterization and evaluation of South African sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) LAM) land races. **South African Journal of Botany**, v. 85, p. 10-16, 2013.

MAGHULY, F.; JANKOWICZ-CIESLAK, J.; PABINGER, S.; TILL, B. J.; LAIMER, M. Geographic origin is not supported by the genetic variability found in a large living collection of *Jatropha curcas* with accessions from three continents. **Biotechnology Journal**, v. 10, n. 4, p. 536-551, 2015.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

MOULIN, M. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; SUDRÉ, C. P.; SANTOS, M. H.; SILVA, J. R. P. Collection and morphological characterization of sweet potato landraces in north of Rio de Janeiro state. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 2, p. 286-292, 2012.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D. Variabilidade genética em batata-doce com base em marcadores isoenzimáticos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 576-582, 2002.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. **Bioinformatics**, v. 8, n. 19, p. 2537-2539, 2012.

RITSCHER, P. S.; THOMAZELLI, L. F.; HUAMÁN, Z. Caracterização morfológica do germoplasma de batata-doce mantido pela EPAGRI. Brasília: **Embrapa Hortaliças**, n.16, 1998.

SANTOS, D. N.; FERREIRA, J. L.; PASQUAL, M.; GENEROSO, A. L.; SETOTAW; T. A.; CANÇADO, G. M. A.; VENDRAME, W. A. Population structure of *jatropha* and its implication for the breeding program. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1-11, 2016.

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FACCHINELLO, P. H. K.; OLIVEIRA, A. C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017.

5.3. Artigo 3: Abordagem bayesiana na estimativa de parâmetros genéticos e ganho de seleção em meios-irmãos de batata-doce

Este artigo foi elaborado conforme normas do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal.

RESUMO

A avaliação de progênies é uma estratégia importante para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, mas ainda pouco praticada para a batata-doce. Aliada a inferência bayesiana pode gerar grande avanço para a cultura, pois permite a incorporação de conhecimentos *a priori* obtidos a partir de experimentos prévios. Logo, objetivou-se utilizar o conhecimento *a priori* obtido em experimentos prévios por meio da inferência bayesiana a fim de estimar parâmetros genéticos, ganhos com a seleção e selecionar melhores progênies de meios-irmãos de batata-doce considerando o BLUP individual simulado. Foram avaliadas 16 progênies quanto à produtividade de raízes e ramos, formato de raízes e resistência a insetos do solo. Os dados foram analisados por meio da teoria bayesiana, considerando dados de 12 experimentos anteriores para a obtenção da *priori* informativa. As variáveis produtividade total de raízes, produtividade comercial de raízes, resistência a insetos do solo e formato de raízes apresentaram maiores estimativas de herdabilidade. São esperados ganhos expressivos para a população melhorada. As progênies F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM09, CAMBRAIA e F-UFVJM40 se destacaram dos demais e podem ser utilizados em futuros programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Melhoramento. População segregante. Teorema de bayes. Herdabilidade. Biometria.

5.3.1. Introdução

A avaliação de progênies de meios-irmãos é um dos principais métodos de seleção recorrente (BORÉM; MIRANDA, 2013). Na análise dos dados obtidos é possível incorporar informações *a priori* de experimentos anteriores com o uso da inferência bayesiana, obtendo uma avaliação mais informativa e robusta (KLAUENBERG *et al.*, 2015).

A inferência bayesiana, por meio do Teorema de Bayes, combina a informação *a priori* e a função de verossimilhança, dando origem à distribuição *a posteriori* dos dados (OLIVEIRA *et al.*, 2015). Por meio do enfoque bayesiano é possível obter os componentes de variância para estimar parâmetros genéticos, prever valores genéticos (OLIVEIRA *et al.*, 2014) e estimar ganhos de seleção para a seleção de progênies superiores.

Um dos métodos de melhoramento indicados para a cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é a seleção recorrente (OLIVEIRA *et al.*, 2002). A batata-doce é propagada, geralmente, por via assexuada, por meio das ramas. É uma espécie autohexaplóide ($2n=6x=90$) e possui autoincompatibilidade do tipo esporofítica (AZEVEDO *et al.*, 2015). Esses dois componentes contribuem para a grande variabilidade fenotípica e genotípica quando se utiliza a propagação por sementes botânicas (SILVA *et al.*, 2017).

Na batata-doce a obtenção de sementes é de importância apenas para o melhoramento genético, com o objetivo de obter cultivares de polinização aberta ou híbridos. Os cultivares de polinização aberta são formados quando há livre polinização ao acaso de um grupo de indivíduos selecionados (BORÉM; MIRANDA, 2013), e as sementes colhidas originam progênies de meios-irmãos. A polinização natural, no caso da batata-doce, é realizada por insetos.

Na avaliação de progênies de meios irmãos é vantajosa a colheita em nível de planta. Porém para a cultura da batata-doce isso se torna muito difícil, pois, as raízes se misturam espacialmente quando plantados no espaçamento convencional. Desta forma, a colheita nestes experimentos geralmente é feita em nível de parcela. Neste contexto, o BLUPIS (BLUP simulado) torna-se uma técnica alternativa, pois possibilita a análise em nível de parcela, mais torna possível a seleção de um número diferente de indivíduos por família, possibilitando maiores progressos com a seleção (SILVA *et al.*, 2013). Logo a combinação desta metodologia com a inferência bayesiana pode trazer grandes vantagens ao melhoramento genético da cultura.

Logo, objetivou-se utilizar o conhecimento *a priori* obtido em experimentos prévios por meio da inferência bayesiana a fim de estimar parâmetros genéticos, ganhos com a seleção e selecionar melhores progênies de meios-irmãos de batata-doce considerando o BLUP individual simulado.

5.3.2. Material e métodos

Foram avaliados no Instituto de Ciências Agrárias (ICA) - Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Campus Montes Claros-MG (Coordenadas: 16°40'58.16"S e 43°50'20.15"O) 16 progênies de meios-irmãos de batata-doce (F-BELGARD, F-CAMBRAIA, F-LICURI, F-UFVJM40, F-UFVJM01, F-ARRUBA, F-UFVJM05, F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM31, F-FVJM37, F-UFVJM54, F-UFVJM25, F-UFVJM29, F-TCARRO02, F-UFVJM54) oriundos de sementes botânicas obtidas de acessos do banco de germoplasma da UFMG. Estes acessos foram selecionados em experimentos prévios conduzidos na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM).

A colheita das sementes foi realizada diariamente, de abril a outubro de 2018. Os frutos eram colhidos secos, posteriormente as sementes retiradas dos frutos e armazenadas em geladeira a 4°C.

As sementes foram submetidas à escarificação mecânica com lixa para quebra de dormência (impermeabilidade tegumentar). Foram plantadas em bandejas de poliestireno de 72 células com substrato comercial. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação e irrigadas diariamente durante 2 meses, quando as mudas já estavam prontas para o plantio.

O plantio foi realizado em leiras, com espaçamento de um metro entre leiras e 0,30 metros entre plantas e a irrigação por aspersão (AZEVEDO *et al.*, 2015). Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela composta por 10 plantas.

Para manter a superfície do solo com bom teor de umidade, no período crítico de estabelecimento da cultura a irrigação foi aplicada todos os dias. Após esse período, a irrigação foi aplicada duas vezes na semana.

O experimento foi instalado em solo cambissolo háplico. A adubação de plantio foi realizada de acordo com a análise do solo e as recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2008). Foi utilizado 180 kg ha⁻¹ de fósforo e 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio. Aos 30 dias do plantio das mudas foi feita uma adubação de cobertura com 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio. A adubação de potássio não foi necessária de acordo com a análise química do solo.

Aos 165 dias após o plantio foi realizada a colheita, as ramas foram cortadas rente ao solo, com o auxílio de tesouras de poda e as raízes colhidas manualmente com o auxílio de enxadas. Imediatamente após a colheita, as ramas e raízes foram pesadas e separadas para a obtenção das variáveis: produtividade de massa verde de ramas (PMVR); produtividade total de raízes (PTR); produtividade de raízes comerciais (PRC); peso médio de raízes comerciais (PMRC); formato de raízes (FORM) resistência a insetos do solo (RI).

A PMVR foi obtida pelo peso total de ramas por parcela e o resultado expresso em t ha⁻¹. Para a PTR foram pesadas todas as raízes da parcela e o resultado foi expresso em t ha⁻¹. Para a característica PRC foram consideradas como comercializáveis raízes entre 0,1 e 0,8 quilos sem rachaduras, deformações, esverdeamentos, danos por insetos ou presença de veias, os resultados foram expressos em t ha⁻¹ (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018). O PMRC foi obtido pela razão entre PRC e o número de raízes comerciais, expresso em gramas.

Foi utilizada a escala de notas para o FORM: nota 1 para raízes com formato fusiforme (excelente); nota 2 para raízes predominantemente fusiformes (bom); nota 3 para raízes com formato irregular, não fusiforme (aceitável); nota 4 para raízes com formato muito irregular (ruim); nota 5 para raízes deformadas (péssimo) (AZEVEDO *et al.*, 2002).

Para a RI, utilizou-se a seguinte escala: nota 1 para raízes livres de danos causados por insetos; nota 2 para raízes com poucos danos, porém observáveis; nota 3 para danos verificados sem muito esforço visual; nota 4 para danos muito claros, abrangendo a maior parte da superfície; nota 5 para danos abrangendo toda a superfície (AZEVEDO *et al.*, 2002).

A escala de notas utilizadas para o FORM e a RI foram obtidas por três avaliadores previamente treinados. Estas variáveis são qualitativas ordinais, logo foram obtidas a média das notas dos três avaliadores, sendo que as notas foram dadas para cada parcela. Segundo Pimentel-Gomes (2009),

dados obtidos pela média de medições de três ou mais avaliadores para variáveis qualitativas ordinais, podem ser analisados estatisticamente com as mesmas técnicas das variáveis quantitativas.

Para a análise estatística considerou-se o modelo $y = X_r + Bcov + Z_g + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genéticos aditivos, e e é o vetor de erros. O coeficiente cov refere-se à regressão associada à covariável (número de plantas por parcela). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Assumindo $e | \sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$, a distribuição amostral dos dados observados (função de verossimilhança) é: $y | r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2 \sim N(X_r + Bcov + Z_g, I\sigma_e^2)$, sendo $\sigma_g^2 = (1/4)\sigma_A^2$. Onde I é a matriz identidade, σ_g^2 , σ_A^2 e σ_e^2 os componentes de variância associados aos efeitos genotípicos, efeitos genotípicos aditivos e residuais, respectivamente.

A distribuição *a priori* para os parâmetros de locação (efeitos fixos e aleatórios) do modelo é dada por:

$$r | \mu_r, I_r, \sigma_r^2 \sim N(\mu_r, I_r, \sigma_r^2)$$

$$cov | \mu_{cov}, I_{cov}, \sigma_{cov}^2 \sim N(\mu_{cov}, I_{cov}, \sigma_{cov}^2)$$

$$g | A\sigma_g^2 \sim N(0, A\sigma_g^2)$$

Onde μ_r e σ_r^2 são os parâmetros conhecidos (hiperparâmetros) da distribuição normal multivariada associada ao efeito de blocos, com matriz de covariância dada por $I_r\sigma_r^2$, sendo I_r a matriz identidade, μ_{cov} e σ_{cov}^2 são os hiperparâmetros da distribuição normal multivariada associada ao efeito da covariável, com matriz de covariância dada por $I_{cov}\sigma_{cov}^2$ sendo I_{cov} a matriz identidade. Já a matriz de parentesco foi representada por A . Para os componentes de variância σ_g^2 e σ_e^2 , foram assumidas como priori as distribuições qui-quadrado escalonada invertida a seguir:

$$\sigma_g^2 | V_g, S_g \sim V_g S_g \chi_g^{-2}$$

$$\sigma_e^2 | V_e, S_e \sim V_e S_e \chi_e^{-2}$$

Sob o teorema de Bayes, a distribuição conjunta *a posteriori* de todos os parâmetros desconhecidos (r, cov, g, σ_g^2 e σ_e^2) é proporcional ao produto da função de verossimilhança com a distribuição *a priori*. Assim, a formulação geral deste teorema é:

$$P(r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2 | y) \propto P(y | r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2) x P(r | \mu_r, I_r, \sigma_r^2) x P(cov | \mu_{cov}, I_{cov}, \sigma_{cov}^2) x P(g | u_g, A\sigma_g^2) x P(\sigma_g^2 | V_g S_g) x P(\sigma_e^2 | V_e S_e)$$

Utilizando a respectiva densidade de probabilidade das distribuições *a priori*, a equação da distribuição conjunta *a posteriori* pode ser obtida por:

$$P(r, cov, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2 | y) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{N}{2}} \exp\left\{-\frac{[y - (X_r + Bcov + Z_g + e)]^t [y - (X_r + Bcov + Z_g + e)]}{2\sigma_e^2}\right\} x (\sigma_r^2)^{-\frac{n_r}{2}} \exp\left[-\frac{(r - u_r)^t (r - u_r)}{2\sigma_r^2}\right] x (\sigma_{cov}^2)^{-\frac{1}{2}} \exp\left[-\frac{(cov - u_{cov})^t (cov - u_{cov})}{2\sigma_{cov}^2}\right] x (\sigma_g^2)^{-\frac{n_r}{2}} \exp\left(-\frac{g^t g}{2\sigma_g^2}\right) x (\sigma_g^2)^{-\frac{V_g + 1}{2}} \exp\left(-\frac{V_g S_g}{2\sigma_g^2}\right) x (\sigma_e^2)^{-\frac{V_e + 1}{2}} \exp\left(-\frac{V_e S_e}{2\sigma_e^2}\right)$$

A inferência estatística dos parâmetros da equação anterior é realizada na distribuição conjunta *a posteriori*, $P(\cdot | y)$, para cada um destes parâmetros. A fim de obter essas distribuições, integrais devem ser obtidas, as quais não tem solução analítica. Dessa forma, recorreu-se ao algoritmo MCMC para gerar amostras aleatórias das distribuições marginais indiretamente. Em termos gerais, definindo $\theta =$

$[\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_p]$ o conjunto de todos os p parâmetros, a distribuição a *posteriori* condicional completa (DPCC) para um particular parâmetro θ_k é denotada por $P(\theta_k | \theta_1, \dots, \theta_{k-1}, \theta_{k+1}, \dots, \theta_p, \mathcal{Y})$. Sendo esta DPCC caracterizada como famílias conhecidas de distribuição de probabilidade, as quais apresentam forma fechada, o amostrador Gibbs Sampler pôde ser utilizado.

Para utilizar *prioris* informativas, dados de 12 experimentos com acessos que compõem o banco de germoplasma em estudo foram considerados (Tabela 1). O inverso dos valores médios dos componentes de variância (variância genética e residual) obtidos ($\bar{\tau} = 1/\bar{\sigma}^2$) e suas respectivas variâncias ($S_{\bar{\tau}}^2$) foram calculados e igualados às esperanças e variâncias da distribuição $gamma(\alpha, \beta)$: $\bar{\tau} = \alpha/\beta$ e $S_{\bar{\tau}}^2 = \alpha/\beta^2$. Assim, foi possível definir $\alpha = \bar{\tau}/S_{\bar{\tau}}^2$ e $\beta = \bar{\tau}^2/S_{\bar{\tau}}^2$, resultando em $\bar{\tau} = 1/\sigma^2 \sim gamma(\alpha, \beta)$ que é uma *priori* informativa, em que a esperança e variância são coincidentes com a média e variância, respectivamente. Procedimento similar também foi feito por Silva *et al.* (2013), Teodoro *et al.* (2015) e Euzébio *et al.* (2018).

Tabela 1: Ano de execução, número de genótipos, número de repetições e locais de 12 experimentos de batata-doce com genótipos do banco de germoplasma da UFVJM e UFMG.

Ensaio	Ano	Nº Genótipos	Nº de repetições	Local
1	2009	12	4	Diamantina, MG
2	2007/08	65	3	Diamantina, MG
3	2013	72	4	Diamantina, MG
4	2007	6	3	Diamantina, MG
5	2005	12	4	Diamantina, MG
6	2005	12	4	Diamantina, MG
7	2009	8	3	Diamantina, MG
8	2009	8	3	Faz. Forquilha ¹
9	2009	15	4	Diamantina, MG
10	2010/11	15	4	Couto Magalhaes de Minas, MG
11	2015/16	10	5	Diamantina, MG
12	2018	24	4	Montes Claros, MG

Nota: ¹Fazenda Forquilha= localizada no Distrito de Batatal, município de Diamantina, MG, UFMG= Universidade Federal de Minas Gerais, UFVJM= Universidade Federal dos vales do Jequitinhonha e Mucuri.

Elaborado pela autora, 2020.

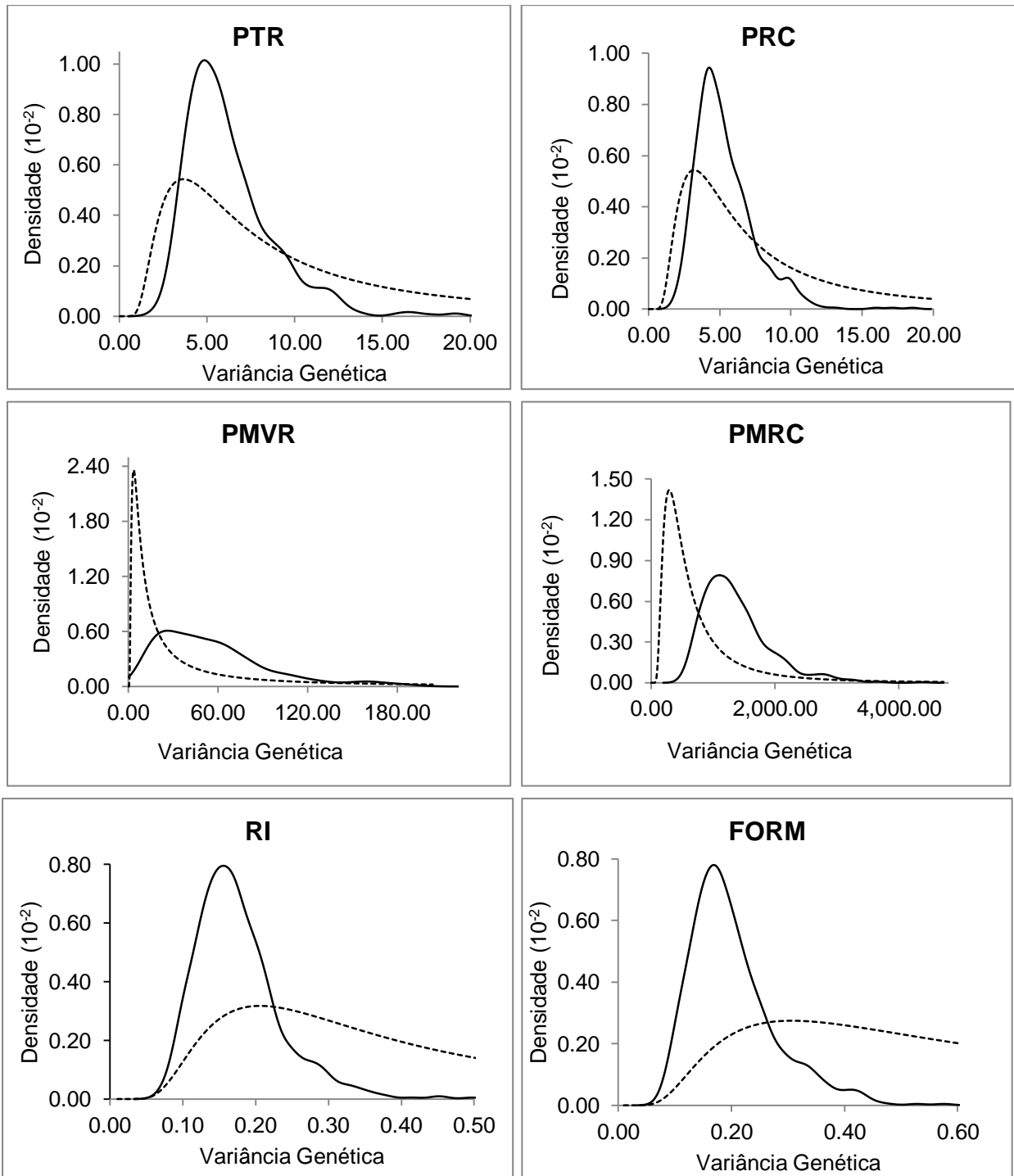
Todas as análises foram feitas com o auxílio do software R. Para a cadeia MCMC foram arbitradas 10000 iterações, *burn-in* de 1000 iterações e *thin* de 15 iterações por meio do pacote *rjags* (PLUMMER, 2019). A partir das distribuições, a *posteriori* dos componentes de variância foi estimada a herdabilidade no sentido restrito, coeficiente de variação genotípico, coeficiente de variação residual, índice de variação relativo. Além disso, foram estimados os ganhos de seleção direto, indireto e simultâneo pelo método de Mulamba e Mock (1978), o índice de seleção utilizado foi de 30%. Para cada parâmetro foi obtida a média, moda, mediana, intervalo de credibilidade (95%) e teste Geweke para convergência pelo pacote *boa* (SMITH, 2007).

Para a determinação do n_k (número de indivíduos a ser selecionado na família k), foi utilizada a expressão: $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_j$, em que: \hat{g}_j refere-se à moda da distribuição *a posteriori* do valor genético da melhor família, \hat{g}_k refere-se à moda da distribuição *a posteriori* do valor genético da k -ésima família e n_j equivale ao número de indivíduos selecionados na melhor família (RESENDE; BARBOSA, 2006).

5.3.3. Resultados

Para a variância genética foi observado maior proximidade entre as distribuições *a posteriori* e *a priori* para PTR e PRC. Para as demais variáveis houve menor proximidade entre as distribuições *a priori* e *a posteriori*. (Figura 1). Com maiores valores para a *posteriori* na maioria das variáveis avaliadas.

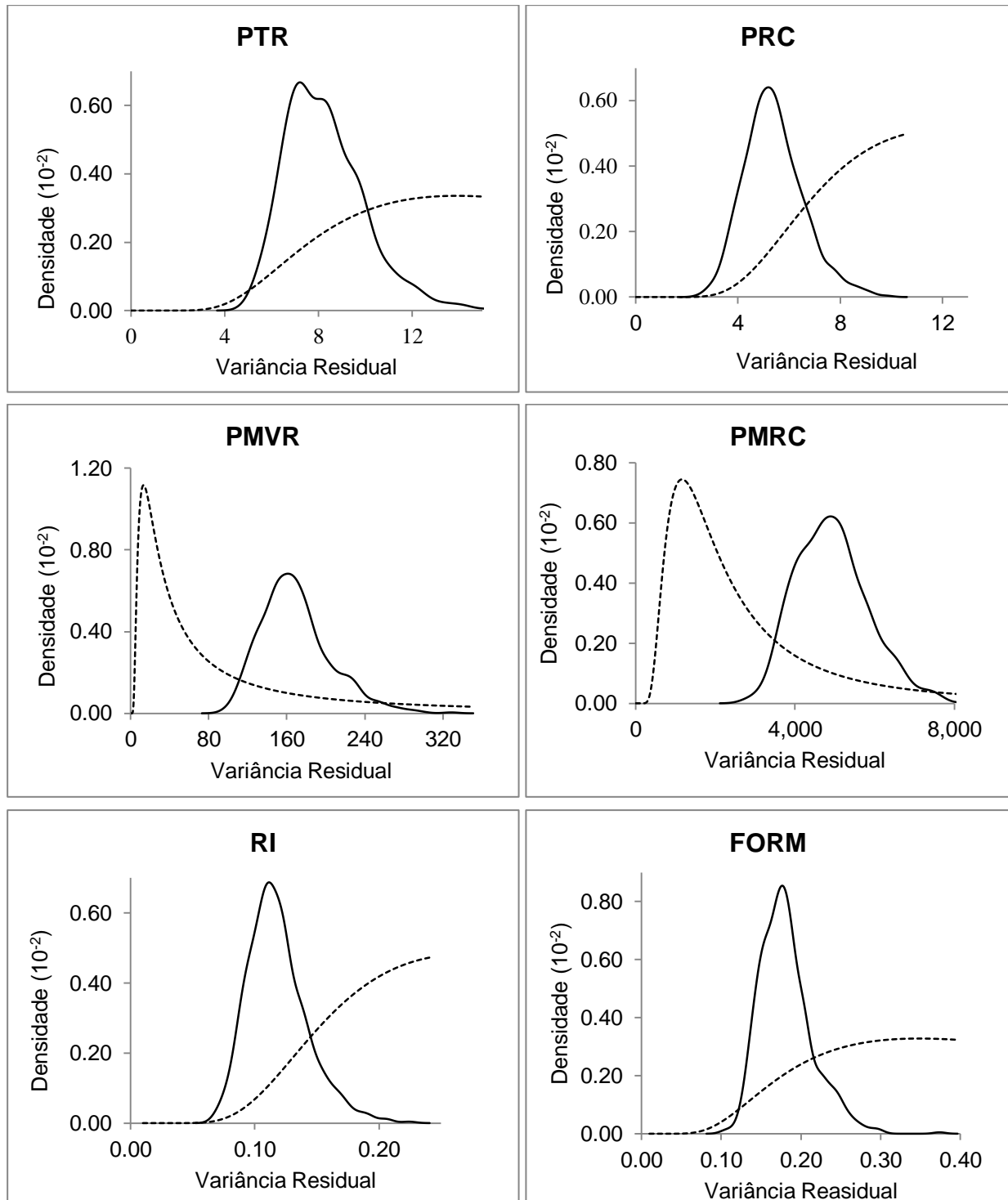
Figura 1: Distribuição *a priori* (---) e *a posteriori* (—) para a variância genética na produtividade total de raízes (PTR) produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramas (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM) avaliados em meios-irmãos de batata-doce.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Para a variância residual houve menor proximidade entre as distribuições *a priori* e *a posteriori*, sendo que *as posterioris* tenderam a apresentar menores valores, em relação *as prioris*, para as variáveis PTR, PRC, RI e FORM (Figura 2).

Figura 2: Distribuição *a priori* (---) e *a posteriori* (—) para a variância residual na produtividade total de raízes (PTR), produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramas (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM) avaliados em meios-irmãos de batata-doce.



Fonte: Elaborado pela autora, 2020

Foram observados valores próximos de média, mediana e moda para a distribuição *a posteriori* dos parâmetros (Tabelas 2 e 3). As estimativas de p obtidas pelo teste de Geweke foram superiores a 0,05 para todas as variáveis e parâmetros (Tabelas 2 e 3).

A PRC apresentou maior coeficiente de variação genética individual (CVgi), diferindo das demais variáveis, pelo intervalo de credibilidade. Pois o intervalo de credibilidade da característica PRC não englobou a média, moda e mediana das demais características. A variável PTR apresentou o segundo maior valor de CVgi. Para coeficiente de variação genética entre progênies (CVgp) novamente as características PCR e PTR apresentaram os maiores valores, cuja moda da distribuição *a posteriori* não é englobada pelos intervalos de credibilidade das demais características (Tabela 2).

Para a distribuição *a posteriori* do coeficiente de variação residual a PRC e PTR apresentaram maiores valores, diferindo das demais variáveis. Já para o coeficiente de variação relativo individual (CVri) foram observados valores superiores a 1 na média para PRC, FORM e RI. A variável RI diferiu pelo intervalo de credibilidade apenas de PMRC, o mesmo comportamento foi observado para o coeficiente de variação relativo entre progênies (CVrp), porém com valores inferiores a 1 (Tabela 2).

Os maiores valores de herdabilidade individual no sentido restrito foram encontrados para as características RI FORM, PRC e PTR. A variável RI difere estatisticamente pelo intervalo de credibilidade da PMRC. Os valores de acurácia variaram de 0.71 a 0.92 para a média, onde não foi observada diferença para as variáveis de acordo com o intervalo de credibilidade (Tabela 3).

As variáveis PRC, PTR e PMVR apresentaram maior ganho estimado de seleção (Figura 3), aproximadamente 41%, 27% e 17%, respectivamente, para o ganho de seleção direto (Tabela 4). As demais características apresentaram menores estimativas, porém ganhos inferiores a 10% foram observados apenas para o PMRC (9,41%). Na seleção direta para a PTR são observados ganhos indiretos expressivos para PRC e PMRC, ao selecionar para PRC haverá ganhos expressivos para a PTR e PMRC. Já se a seleção for feita para PMVR são observados efeitos desfavoráveis para a PTR e PRC, na seleção direta para o FORM haverá ganho expressivo para RI porém pouco avanço para a PRC. Já na seleção simultânea a partir do índice Mulamba e Mock (1978) houve ganho favorável para todas as características (Tabela 4).

Na seleção direta para a PTR e PRC será selecionado maior número de indivíduos na família F-UFVJM56, para PMVR e RI na família F-UFVJM40, para PMRC nas famílias F-UFVJM29 e F-UFVJM37, e para FORM na família F-CAMBRAIA, com a seleção de 40 indivíduos para cada uma dessas famílias. Optando pela seleção simultânea serão selecionados 29 indivíduos em F-UFVJM15, 35 em F-UFVJM56, 34 em F-UFVJM09, 29 em F-CAMBRAIA, e 40 em F-UFVJM40.

Houve sobreposição dos intervalos de credibilidade para os valores genéticos das progênies de meios-irmãos para todas as características. As progênies F-UFVJM40, F-UFVJM25, F-UFVJM56, e F-UFVJM15 se destacam por apresentarem uma junção de características desejáveis, como maior PT, PTR, PRC, PMVR e menor FORM e RI (Figura 4).

Tabela 2: Média (Me), mediana (Md), moda (Mo), intervalos de credibilidade das densidades *posteriores* e valor de p do teste de Geweke para a distribuição *a posteriori* das estimativas dos coeficientes de variação em meios-irmãos de batata-doce.

Variáveis	Análises Descritivas			HPD (95%)		p-valor (Geweke)
	Me	Md	Mo	Inf.	Sup.	
Coeficiente de variação genético individual (%)						
PTR	49,83	48,25	49,25	34,66	69,45	0,98
PRC	76,19	74,21	68,69	53,76	106,28	0,67
PMVR	21,10	20,59	20,59	8,02	35,06	0,61
PMRC	15,68	15,30	13,57	9,95	21,38	0,83
FORM	26,34	25,64	24,44	18,04	35,88	0,68
RI	29,50	29,13	29,54	21,49	39,26	0,44
Coeficiente de variação genético entre progênies (%)						
PTR	24,91	24,12	24,62	17,33	34,72	0,98
PRC	38,10	37,10	34,35	26,88	53,14	0,67
PMVR	10,55	10,29	10,30	4,01	17,53	0,61
PMRC	7,84	7,65	6,79	4,98	10,69	0,83
FORM	13,17	12,82	12,22	9,02	17,94	0,68
RI	14,75	14,57	14,77	10,74	19,63	0,44
Coeficiente de variação residual (%)						
PTR	58,02	57,6	57,58	47,53	69,97	0,53
PRC	77,36	77,06	72,8	61,58	93,87	0,23
PMVR	38,46	38,12	37,93	31,02	46,14	0,68
PMRC	30,21	30,08	31,13	25,38	36,08	0,41
FORM	25,24	25,04	24,86	21,52	30,01	0,41
RI	24,38	24,16	23,75	20,08	29,58	0,95
Coeficiente de variação relativo individual						
PTR	0,87	0,84	0,84	0,56	1,25	0,75
PRC	1,00	0,96	0,96	0,65	1,40	0,44
PMVR	0,56	0,54	0,60	0,20	0,96	0,83
PMRC	0,52	0,51	0,45	0,33	0,74	0,82
FORM	1,05	1,02	0,95	0,71	1,47	0,45
RI	1,22	1,20	1,13	0,82	1,70	0,38
Coeficiente de variação relativo entre progênies						
PTR	0,43	0,42	0,42	0,28	0,63	0,75
PRC	0,50	0,48	0,48	0,33	0,70	0,44
PMVR	0,28	0,27	0,30	0,1	0,48	0,83
PMRC	0,26	0,25	0,23	0,17	0,37	0,82
FORM	0,52	0,51	0,48	0,35	0,73	0,45
RI	0,61	0,60	0,56	0,41	0,85	0,38

Nota: PTR=produtividade de raízes, PRC= produtividade de raízes comerciais, PMVR= produtividade de massa verde de ramas, PMRC=peso médio de raízes comerciais, FORM= formato de raízes, RI= resistência a insetos do solo.

Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

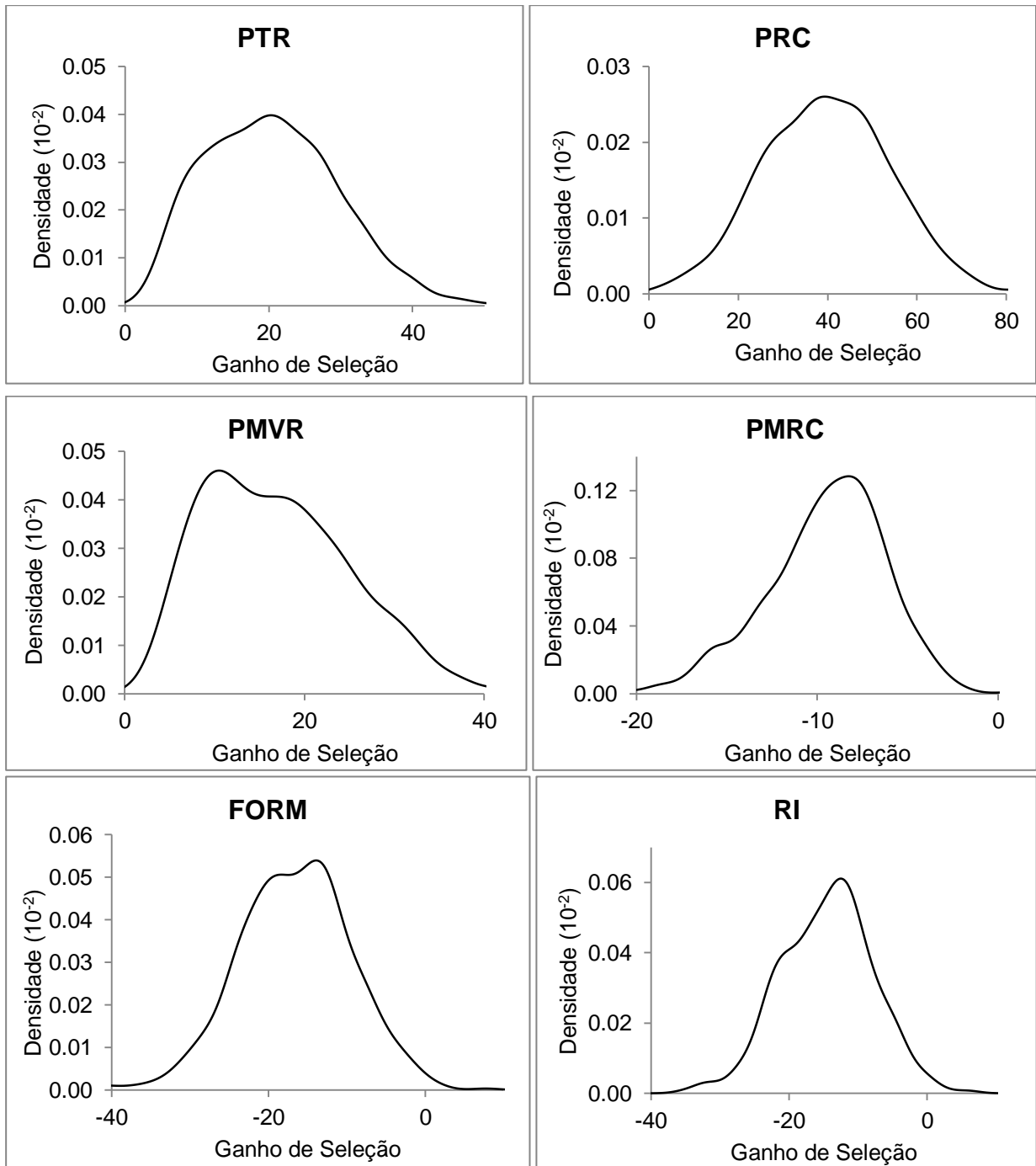
Tabela 3: Média (Me), mediana (Md), moda (Mo), intervalos de credibilidade das densidades *posteriores* e valor de p do teste de Geweke para a distribuição *a posteriori* das estimativas de herdabilidade individual no sentindo restrito e acurácia de meios-irmãos batata-doce.

Variáveis	Análises Descritivas			HPD (95%)		p-valor (Geweke)
	Me	Md	Mo	Inf.	Sup.	
Herdabilidade						
PTR	0,42	0,41	0,41	0,24	0,61	0,84
PRC	0,49	0,48	0,48	0,30	0,66	0,36
PMVR	0,24	0,22	0,08	0,04	0,48	0,75
PMRC	0,22	0,20	0,17	0,10	0,35	0,85
FORM	0,51	0,51	0,47	0,35	0,69	0,52
RI	0,59	0,59	0,59	0,42	0,75	0,59
Acurácia						
PTR	0,86	0,86	0,86	0,77	0,94	0,88
PRC	0,88	0,89	0,89	0,81	0,95	0,27
PMVR	0,71	0,73	0,84	0,46	0,91	0,59
PMRC	0,71	0,71	0,70	0,58	0,84	0,71
FORM	0,90	0,90	0,89	0,84	0,96	0,56
RI	0,92	0,92	0,92	0,87	0,96	0,74

Nota: PTR= produtividade de raízes, PRC= produtividade de raízes comerciais, PMVR= produtividade de massa verde de ramas, PMRC= peso médio de raízes comerciais, FORM= formato de raízes, RI= resistência a insetos do solo.

Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Figura 3: Distribuição *a posteriori* para o ganho estimado de seleção (%) na produtividade total de raízes (PTR) produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramas (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM) avaliados em meios-irmãos de batata-doce.



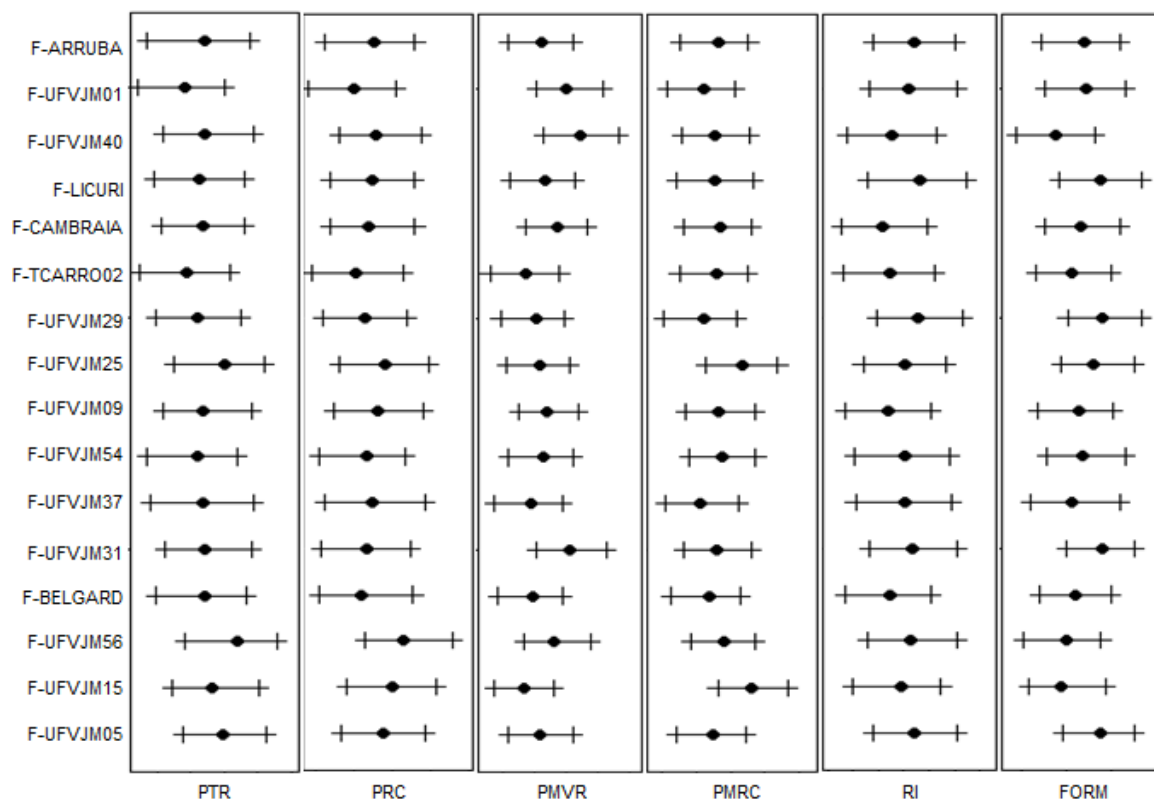
Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Tabela 4: Ganho de seleção direta (diagonal principal), indireta (fora da diagonal) e simultânea (MM - Mulamba e Mock) e numero de indivíduos selecionados pela metodologia BLUPIS em variáveis avaliadas em meios-irmãos de batata doce.

Variáveis/Genótipos	Critério de seleção						
	PTR	PRC	PMVR	PMRC	RI	FORM	MM
PTR	26,86	20,32	-4,23	-1,95	2,47	4,59	6,30
PRC	13,27	40,67	-3,56	-2,74	0,19	3,68	14,66
PMVR	0,52	-0,16	16,85	-0,44	-1,54	-3,13	3,63
PMRC	9,67	16,41	-3,63	-9,41	2,07	3,55	2,24
FORM	0,52	-2,33	0,65	-0,95	-14,17	-5,87	-5,14
RI	3,55	0,81	0,22	1,22	-2,13	-16,16	-8,60
Número de plantas a serem selecionadas por família							
F-UFVJM05	37	33	-	38	-	-	-
F-UFVJM15	34	37	-	-	38	-	29
F-UFVJM56	40	40	33	-	36	-	35
F-BELGARD	-	-	-	39	-	38	-
F-UFVJM31	-	-	38	-	-	-	-
F-UFVJM37	-	-	-	40	35	-	-
F-UFVJM54	-	-	-	-	-	-	-
F-UFVJM09	-	31	-	-	-	39	34
F-UFVJM25	36	33	-	-	-	-	-
F-UFVJM29	-	-	-	40	-	-	-
F-TCARRO02	-	-	-	-	34	38	-
F-CAMBRAIA	-	-	34	-	-	40	29
F-LICURI	-	-	-	-	-	-	-
F-UFVJM40	32	-	40	-	40	38	40
F-UFVJM01	-	-	36	40	-	-	-
F-ARRUBA	-	-	-	-	-	-	-

Nota: PTR= produtividade de raízes, PRC= produtividade de raízes comerciais, PMVR= produtividade de massa verde de ramos, PMRC= peso médio de raízes comerciais, FORM= formato de raízes, RI= resistência a insetos do solo, MM= critério de seleção de Mulamba e Mock.

Figura 4: Moda dos valores genéticos das progênes entre os intervalos de credibilidade da distribuição *a posteriori* (95%) para a produtividade total de raízes (PTR), produtividade de raízes comerciais (PRC), produtividade de massa verde de ramas (PMVR), peso médio de raízes comerciais (PMRC), resistência a insetos do solo (RI) e formato de raízes (FORM) para 16 progênes de meios-irmãos de batata-doce.



Fonte: Elaborada pela autora, 2020.

5.3.4. Discussão

O enfoque bayesiano permite obter as densidades das distribuições *posteriores* e os intervalos de credibilidade, importantes para o conhecimento da natureza genética das variáveis (SILVA *et al.*, 2013). Uma das vantagens dos métodos bayesianos é a capacidade de acessar a distribuição *a posteriori* dos parâmetros utilizando as informações preexistentes (TORRES *et al.*, 2018).

A inferência bayesiana é uma ferramenta importante para o melhoramento de plantas, que permite utilizar dados de experimentos anteriores para prever resultados mais precisos. A análise do comportamento das *prioris* e *posteriores* para variância genética, para a maioria das variáveis, indica que a variabilidade genética foi maior em relação aos experimentos anteriores. Progênes obtidas por cruzamentos divergentes apresentam grande variabilidade genética (BORÉM; MIRANDA, 2013). E do ponto de vista do melhoramento genético, essa alta variabilidade disponível nas populações segregantes pode ser explorada (OLIVEIRA *et al.*, 2012).

Os experimentos de campo são fundamentais no melhoramento genético de plantas. E é desejável um alto grau de precisão experimental na predição de valores genotípicos dos indivíduos avaliados (RESENDE; DUARTE, 2007). Os resultados obtidos para a variância residual, considerando as

*prior*es e *posterior*es, indicam que houve maior controle nos efeitos do ambiente no experimento atual em relação aos anteriores.

Os valores encontrados pelo teste de Geweke, sempre maiores que o nível de significância pré-fixado (5%), demonstraram a confiabilidade dos resultados apresentados para todos os parâmetros avaliados. Comprovando a convergência do processo iterativo (SILVA *et al.*, 2013).

A magnitude do CV_{gi} e CV_{gp} indicou presença de grande variabilidade genética para as variáveis PRC e PTR, revelando situação propícia para a seleção (RESENDE, 2007). Alta variabilidade genética para as características sob seleção é fundamental para o sucesso de um programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O conhecimento da magnitude do efeito do ambiente também é importante, uma vez que não é possível prever suas variações (BOREM; MIRANDA, 2013). Nesse estudo os coeficientes de variação residual estão acima de 20% para todas as variáveis. Para culturas cujo caráter em estudo são estruturas subterrâneas há dificuldade no controle ambiental, gerando coeficientes de variação acima de 30% (CAVALCANTE *et al.*, 2006).

O cultivo da batata-doce ainda é feito com métodos tradicionais de cultivo, logo, valores altos para o coeficiente de variação residual são esperados e justificados. Dentre as etapas do processo de cultivo que podem influenciar de maneira expressiva, ressaltamos a colheita, principalmente em solos argilosos, como é o caso do experimento em questão, implicando na colheita incompleta e danos causados as raízes (AZEVEDO *et al.*, 2015).

Os valores superiores a 1,0 para o CV_{ri}, que é a razão entre coeficiente de variação genético e ambiental, para as características PRC, FORM e RI indicaram grande potencial para seleção (ALVES *et al.*, 2006). Essas variáveis têm grande peso para a comercialização.

Outro parâmetro que indica potencial para seleção é a herdabilidade. De forma geral a herdabilidade é a proporção genética da variabilidade total. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito encontradas (valores médios acima de 20%) evidenciaram bom controle genético na expressão dos caracteres e indicaram uma situação favorável para a seleção da maioria das características avaliadas. (RESENDE, 1995).

A herdabilidade no sentido restrito é a proporção da variabilidade observada em razão dos efeitos aditivos dos genes. A herdabilidade no sentido restrito quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração, sendo considerada mais útil (BORÉM; MORANDA, 2013).

Deve-se considerar que os valores genéticos preditos dos indivíduos, de forma geral, não são iguais aos valores genéticos verdadeiros, logo, a estatística acurácia avalia a proximidade entre esses dois valores, quanto maior sua estimativa maior será a confiança no valor genético predito e na qualidade do experimento (RESENDE, 2002). Os valores altos de acurácia encontrados para todas as variáveis indicaram maior confiança na avaliação e no valor genético predito dos indivíduos. Valores de acurácia a partir de 0,70, como os observados nesse estudo, são considerados de alta precisão (RESENDE; DUARTE, 2007). Para a cultura da batata-doce são encontrados na literatura valores de acurácia de 0,11 a 0,94 (BORGES *et al.*, 2010), demonstrando que nem todas as avaliações alcançam altos valores de acurácia para todas as características avaliadas.

Com seleção das progênies é esperado ganho superior a 20% para a PRC e PTR, impactando diretamente na obtenção de maior produtividade e qualidade. Azevedo *et al.* (2015) encontraram valor superior a 20% para a PRC, PTR, PMVR e FORM avaliando clones de batata-doce. Ganhos inferiores a 20% para RI e FORM podem ser explicados pelo tipo de solo do experimento atual (cambissolo háplico). Solos mais argilosos afetam diretamente as características RI e FORM (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008).

A seleção direta pode proporcionar ganhos individuais superiores na característica sob seleção (HALLAUER *et al.*, 2010). Já a resposta indireta é usada principalmente para a seleção de características com baixa herdabilidade ou difíceis de medir. Quando o interesse no melhoramento da batata-doce abrange a alimentação humana e animal as variáveis mais importantes são a PRC e a PMVR. Na seleção direta para a PRC serão observados ganhos indiretos expressivos para a PTR e PMRC, já para a PMVR são observados efeitos indiretos desfavoráveis para a PTR e PRC.

A seleção simultânea proporcionou ganhos equilibrados a todas as características. Esse método maximiza as chances de sucesso no processo de melhoramento. E proporcionou ganhos equilibrados a todas as variáveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na avaliação das progênies F-UFVJM40, F-UFVJM25, F-UFVJM56 e F-UFVJM15 se destacam por apresentarem maior PTR, PRC, PMVR e menor FORM e RI. As famílias F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM09, F-CAMBRAIA e F-UFVJM40, são as mais indicadas para prosseguir com o programa de melhoramento, pois estas foram selecionadas considerando o BLUPIS a partir da seleção simultânea pelo método Mulamba e Mock (1978). E conseqüentemente, proporcionarão ganhos em sentido favoráveis para todas as características.

5.3.5. Conclusões

É possível aproveitar o conhecimento *a priori* obtido em experimentos anteriores por meio da inferência bayesiana, constituindo-se em uma ferramenta eficiente em programas de melhoramento genético da batata-doce, auxiliando nas tomadas de decisão.

As variáveis PTR, PRC e RI apresentaram maiores estimativas de herdabilidade. São esperados ganhos de seleção expressivos para a população melhorada para todas as características.

A seleção simultânea é vantajosa para o melhoramento da batata-doce, pois possibilita ganhos com sentidos favoráveis para todas as características.

As progênies F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM09, F-CAMBRAIA e F-UFVJM40 se destacaram dos demais considerando o índice de seleção simultânea e o BLUPIS, podendo ser utilizados em futuros programas de melhoramento.

5.3.6. Agradecimentos

Agradecemos a CAPES (Conselho de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - código 001), à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) e ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pelo apoio a este estudo.

5.3.7. Referências

- ALVES, J. C. S.; PEIXOTO, J. R. P.; VIEIRA, J. V.; BOITEUX, L. S. Herdabilidade e correlações genotípicas entre caracteres de folhagem e sistema radicular em famílias de cenoura, cultivar Brasília. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 3, p. 363-367, 2006.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; ELSAYED, A. Y. A.; AZEVEDO, A. M.; SANTOS, E. A.; FERREIRA, M. A. M. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos batata-doce. **Scientia Agraria**, v. 19, n. 1, p. 28-35, 2018.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Parâmetros genéticos e ganho com seleção em batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 01, 2015.
- AZEVEDO, S. M.; MALUF, W. R.; SILVEIRA, M. A.; FREITAS, J. A. Reação de clones de batata-doce aos insetos de solo. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 3, p. 545-549, 2002.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.
- BORGES, V FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M SANTOS, A. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- CAVALCANTE, J. T.; Ferreira, p. v.; Soares, L.; Borges, V.; Silva, P. P.; Silva, j. w. Análise de trilha em caracteres de rendimento de clones de batatadoce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 28, n. 2, p. 261-266, 2006.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.
- EUZEBIO, M. P.; FONSECA, I. C. B.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; NASCIMENTO, M.; GIORDANI, W.; GONÇALVES, L. S. A. Adaptability and stability assessment of bean cultivars of the carioca commercial group by a Bayesian approach. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, 2018.
- FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2008. 402p.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer-Verlag, 2010. 622p.
- KLAUENBERG, K.; WÜBBELER, G.; MICKAN, B.; HARRIS, P.; ELSTER, C. A tutorial on Bayesian Normal linear regression. **Metrologia**, v. 52, n. 6, p. 878-892, 2015.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetic and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D. Variabilidade genética em batata-doce com base em marcadores isoenzimáticos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 576-582, 2002.

OLIVEIRA, A. P.; MALHADO, C. H. M.; BARBOSA, L. T.; FILHO, R. M.; CARNEIRO, P. L. S. Inferência bayesiana na avaliação genética de bovinos da raça tabapuã do nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 4, p. 227 -234, 2015.

OLIVEIRA, E. J.; FRAIFE FILHO, G. A.; FREITAS, J. P. X.; DANTAS, J. L. L.; RESENDE, M. D. V. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 191-198, 2012.

OLIVEIRA, E. J.; SANTANA, F. A.; OLIVEIRA, L. A. SANTOS, V. S. Genetic parameters, and prediction of genotypic values for root quality traits in cassava using REML/BLUP. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 6683-6700, 2014.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed., Piracicaba: Fealq, 2009, 451 p.

PLUMMER, M. rjags: Bayesian Graphical Models using MCMC. R package version 4-10. <https://CRAN.R-project.org/package=rjags>, 2019.

RESENDE, D. V. M. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

SILVA, F. F.; VIANA, J. M. S.; FARIA, V. R.; RESENDE, M. D. V. Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, n. 7, p. 1749-1761, 2013.

SILVA, J. C.; TAVARES, A. T.; QUITÉRIA, F.; ALVES, G.; VAZ, J. C.; MOMENTÉ, V. G.; NASCIMENTO, I. R. Similaridade genética entre progênies de meios-irmãos de batata-doce com base em caracteres agronômicos. **Desafios**, v. 4, n. 4, p. 70-83, 2017.

SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MAGALHÃES, J.S. Batata-doce: Ipomoea batatas. Brasília: **Embrapa-CNPQ**, n. 6, 2008.

SILVA, M. A. G.; PETERNELLI, L. A.; NASCIMENTO¹, M.; SILVA, F. L. Modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentadas sob o enfoque clássico e bayesiano. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 31, n. 1, p. 1-12, 2013.

SMITH, B. J. boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**, v. 21, n. 11, p. 1-37, (2007).

TEODORO, P. E.; NASCIMENTO, M.; TORRES, F. E.; BARROSO, L. M. A.; SAGRILO, E. Perspectiva bayesiana na seleção de genótipos de feijão-caupi em ensaios de valor de cultivo e uso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 878-885, 2015.

TORRES, L. G.; RODRIGUES, M. C.; LIMA, N. L.; TRINDADE, T. F. H.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F.; LIMA, R. O. Multi-trait multi-environment Bayesian model reveals G x E interaction for nitrogen use efficiency components in tropical maize. **Plos One**, v. 13, n. 6, 2018.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A utilização da inferência bayesiana é uma ferramenta eficiente em programas de melhoramento genético da batata-doce, auxiliando nas tomadas de decisão.

Os clones UFVJM40, UFVJM06, UFVJM09 e CAMBRAIA se destacaram e podem ser utilizados como genitores em futuros programas de melhoramento. São esperados ganhos expressivos para a produtividade total e comercial, resistência a insetos do solo e formato de raízes.

Existe variabilidade genética entre os clones de batata-doce do banco de germoplasma da UFMG. Os acessos UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 são dissimilares dos demais e podem compor cruzamentos com os genótipos superiores selecionados.

As progênies F-UFVJM40, F-UFVJM25, F-UFVJM56 e F-UFVJM15 se destacam por apresentarem uma junção de características desejáveis, como maior produtividade total, comercial e de massa verde e menor FORM e RI. De acordo com a metodologia BLUPIS, as progênies F-UFVJM15, F-UFVJM56, F-UFVJM09, F-CAMBRAIA e F-UFVJM40 podem ser utilizados em futuros programas de melhoramento.

APÊNDICES

Apêndice A - Notas para 24 descritores morfológicos utilizados na caracterização de 24 acessos de batata-doce.

ACESSOS	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
ARRUBA	1	0	0	3	5	5	6	7	5	3	2	5	5	6	3	3	1	9	5	1	0	1	0	0
UFVJM54	0	2	0	3	7	5	5	3	3	1	2	5	5	6	3	3	1	3	2	1	0	1	0	0
CAMBRAIA	3	0	0	3	7	5	5	7	3	4	2	6	5	5	1	3	0	3	2	1	0	1	0	0
CARIRUVERM	9	0	0	3	7	9	6	5	5	9	2	6	5	5	5	3	1	3	2	1	0	1	0	0
PRINCESA	9	4	0	7	9	5	9	6	3	9	2	3	5	7	3	0	0	8	2	1	0	1	0	0
TCARRO01	7	5	0	7	7	5	5	7	3	8	2	1	5	5	1	3	0	8	2	1	0	1	0	0
UFVJM01	1	0	0	5	7	5	4	5	5	1	2	1	7	6	5	3	1	8	5	1	0	1	0	0
UFVJM06	9	0	0	3	5	7	4	6	3	9	2	1	5	6	3	3	1	4	4	1	0	2	0	0
UFVJM07	1	0	0	3	1	5	4	4	7	3	2	1	5	3	5	3	0	8	5	1	0	1	0	0
UFVJM15	1	0	0	3	1	5	1	7	5	2	2	1	5	4	5	3	0	7	6	1	0	2	0	0
UFVJM21	9	5	0	7	7	5	6	5	7	3	5	8	5	6	3	5	0	9	2	1	0	1	0	0
UFVJM25	1	0	0	3	1	5	1	4	3	1	2	2	5	4	5	3	0	9	6	1	0	2	0	0
UFVJM29	1	0	0	3	1	3	2	5	5	2	2	1	5	3	5	3	0	8	6	1	0	2	0	0
BEAUGARD	3	7	0	5	0	1	1	7	5	3	2	5	5	3	3	5	0	8	2	1	0	1	0	0
BZROXA	3	5	0	5	3	5	2	3	5	4	2	3	7	6	5	5	1	2	5	1	0	4	0	0
UFVJM28	1	0	0	7	1	0	1	8	3	4	2	6	5	3	1	5	1	9	2	1	0	1	0	0
UFVJM41	4	0	0	7	0	1	2	8	1	3	2	2	5	4	5	5	2	6	2	1	0	1	0	0
UFVJM44	1	0	0	5	1	1	2	8	5	3	2	5	5	4	5	5	0	3	2	1	0	1	0	0
UFVJM31	1	0	0	5	0	1	1	2	3	1	2	2	5	4	3	3	0	4	2	2	0	9	8	1
UFVJM37	1	0	0	5	1	0	2	3	5	1	2	2	5	4	3	3	0	5	2	2	0	9	8	1
UFVJM40	3	0	0	5	1	3	1	5	7	1	2	5	7	3	3	5	0	8	9	3	0	9	9	0
UFVJM05	1	0	0	5	3	5	1	3	5	1	2	1	5	4	3	1	1	8	2	2	0	9	8	1
UFVJM09	1	0	0	3	1	5	3	4	5	3	2	2	5	4	3	3	0	8	2	2	0	9	8	1
UFVJM56	1	2	0	3	1	5	4	3	5	1	2	2	5	4	3	3	3	7	5	1	3	0	0	0

1= cor predominante da folhagem; 2= cor secundária da folhagem; 3= pilosidade; 4= hábito de crescimento; 5= tipos de lóbulos foliares; 6= número de lóbulos; 7= formato do lóbulo central; 8= pigmentação das nervuras; 9= comprimento pecíolo; 10= Pigmentação pecíolo; 11= cor da folha madura; 12= cor folha imatura; 13= tamanho da folha madura; 14= formato geral da folha; 15= diâmetro entrenó; 16= Comprimento do entrenó; 17= Defeito de raízes tuberosas; 18= formato raiz; 19= Cor predominante da casca; 20= Intensidade da cor da casca; 21= Cor secundária da casca; 22= cor predominante da polpa; 23= cor secundária da polpa; 24= distribuição da cor da polpa secundária, cor vermelha=Cluster 1; cor verde=cluster 2; cor azul= cluster 3.

Fonte: Elaborado pela autora, 2020.

Apêndice B- Médias de produtividade de massa verde, produtividade total de raízes e produtividade de raízes comerciais utilizados na caracterização de 24 acessos de batata-doce.

Acessos	Prod. de massa verde (t h ⁻¹)	Prod. de raízes (t h ⁻¹)	Prod. de raízes comerciais (t h ⁻¹)
ARRUBA	21,25	20,90	10,78
UFVJM06	5,50	3,56	1,26
UFVJM07	20,23	18,52	12,96
CAMBRAIA	24,61	16,64	9,93
CARIRUVERM	29,76	25,56	12,29
PRINCESA	26,06	22,31	10,87
TCARRO01	20,79	21,85	15,20
UFVJM01	34,96	24,97	13,74
UFVJM25	28,96	23,70	10,27
UFVJM15	27,45	20,77	9,23
UFVJM21	24,35	19,43	8,36
UFVJM29	24,83	11,08	4,59
UFVJM54	29,92	16,26	7,91
Média	24,51	18,89	9,79
UFVJM41	10,81	9,15	5,8
UFVJM44	31,91	19,11	8,46
UFVJM28	10,88	10,61	4,19
BEAUGARD	42,48	13,1	3,45
BZROXA	13,56	8,21	5,89
Média	21,93	12,04	5,56
UFVJM05	27,28	21,35	13,14
UFVJM09	31,53	20,37	14,64
UFVJM56	24,45	16,2	9,49
UFVJM31	30,35	17,55	7,58
UFVJM37	29,84	17,05	9,94
UFVJM40	23,37	18,71	14,38
Média	27,80	18,54	11,53
Média geral	24,68	17,23	9,22

Nota: cor vermelha: Cluster 1, cor verde: cluster 2, cor azul: cluster 3

Fonte: Elaborada pela autora, 2020.